



(19) 대한민국특허청(KR)

(12) 등록특허공보(B1)

(45) 공고일자 2022년06월28일

(11) 등록번호 10-2413624

(24) 등록일자 2022년06월22일

(51) 국제특허분류(Int. Cl.)

C07K 14/415 (2006.01) A23L 33/185 (2016.01)

A61P 17/18 (2006.01)

(52) CPC특허분류

C07K 14/415 (2013.01)

A23L 33/185 (2016.08)

(21) 출원번호 10-2018-7004161

(22) 출원일자(국제) 2016년07월18일

심사청구일자 2019년07월19일

(85) 번역문제출일자 2018년02월12일

(65) 공개번호 10-2018-0035829

(43) 공개일자 2018년04월06일

(86) 국제출원번호 PCT/EP2016/067097

(87) 국제공개번호 WO 2017/009490

국제공개일자 2017년01월19일

(30) 우선권주장

15177017.9 2015년07월16일

유럽특허청(EPO)(EP)

(56) 선행기술조사문헌

US20040031072 A1

WO2004042026 A2

WO2007094570 A1

(73) 특허권자

뉴리타스 리미티드

아일랜드 디02 알와이95 더블린 2 도슨 스트리트
조슈아 도슨 하우스

(72) 발명자

칼디, 노라

아일랜드 카운티 더블린 샐킬 코본 클로즈 15

로페즈, 시릴

아일랜드 더블린 로우어 그랜드 캐널 스트리트

아일랜드 빌라스 12

아들레피오, 알레산드로

아일랜드 6 더블린 라스마인스 그로스베너 플레이
스 4 플랫 1

(74) 대리인

양영준, 이윤기

전체 청구항 수 : 총 8 항

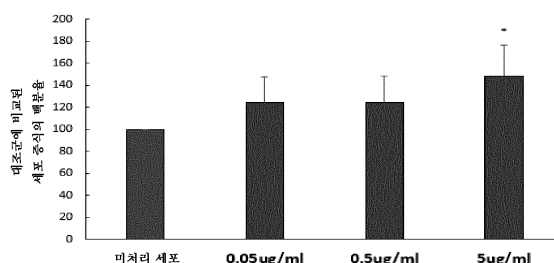
심사관 : 김정아

(54) 발명의 명칭 성장 촉진 펩티드 및 그의 용도

(57) 요약

서열식별번호: 1 내지 13으로부터 선택된 단백질의 세포 성장 촉진 단편을 포함하는 천연 펩티드, 및 복수의 성장 촉진 펩티드를 포함하는 조성물이 기술된다. 인간 피부의 노화의 예방, 손상된 상피 세포 또는 조직을 특징으로 하는 질환 또는 병태 예컨대 결장암 및 말초 염증성 장애의 치료, 및 상처 치료에서의 이러한 펩티드 및 조성물의 용도가 또한 개시된다. 특이적인 완두 및 벼 단백질 유래 펩티드가 서열식별번호: 15 내지 505, 및 546 내지 704에서 기술된다.

대표도 - 도1



(52) CPC특허분류

A61K 38/00 (2013.01)

A61K 8/64 (2013.01)

A61P 17/18 (2018.01)

A61Q 19/08 (2013.01)

A23V 2002/00 (2013.01)

A23V 2200/308 (2013.01)

명세서

청구범위

청구항 1

서열식별번호: 283의 펩티드.

청구항 2

제1항에 있어서, 측쇄 변형 또는 보호기의 혼입에 의해 화학적으로 변형된 펩티드.

청구항 3

엘라스틴 생산 또는 피부 세포 증식을 증가시킴으로써 포유 동물에서 피부의 노화를 늦추거나 억제하는데 사용하기 위한, 제1항 또는 제2항의 펩티드를 포함하는 조성물.

청구항 4

제3항에 있어서, 파우더인 조성물.

청구항 5

제3항에 있어서, 인간의 피부에의 국소 적용을 위해 제형화된 것인 조성물.

청구항 6

제5항에 있어서, 겔, 크림, 로션 또는 연고의 형태인 것인 조성물.

청구항 7

식품, 음료 또는 식품 보충제를 위한, 제1항 또는 제2항의 펩티드를 포함하는 조성물.

청구항 8

포유동물에서 상처의 치료에 사용하기 위한, 제1항 또는 제2항의 펩티드를 포함하는 조성물로서, 피부에의 국소 적용을 위해 제형화되며 포유동물에서의 상처에 국소적으로 적용되는 것인, 조성물.

청구항 9

삭제

청구항 10

삭제

청구항 11

삭제

청구항 12

삭제

청구항 13

삭제

청구항 14

삭제

청구항 15

삭제

청구항 16

삭제

청구항 17

삭제

청구항 18

삭제

청구항 19

삭제

발명의 설명

기술 분야

배경 기술

- [0001] 특히 사람들이 계속해서 더 오래, 그리고 더 건강하게 살 때, 젊어 보이는 외모를 유지하려는 의지의 증가가 피부 노화의 치료를 위한 새로운 피부과학 절차의 점점 더 많은 연구에 이르고 있다. 나이가 들면서, 구조적 및 기능적 변화가 인간 피부에서 관찰되고 (Calleja-Agius J. *et al.* 2013), 환경 요인 예컨대 일광으로부터의 UV 조사 또는 내부 요인 예컨대 폐경기로 인한 호르몬 변화와 같은 다수의 요인이 그의 원인이 된다 (Affinito P. *et al.* 1999).
- [0002] 진피 및 표피 내의 결합 조직의 변경, 특히 세포외 기질의 감소가 고도로 피부 주름형성 및 처짐의 원인이 되는데, 그의 기계적 성질에서의 중요한 변화를 유도하기 때문이다. 게다가, 세포외 기질의 대사 및 합성이 효소 활성을 통해 노화 프로세스에 영향을 받는다.
- [0003] 현재 노화 프로세스에 대항하는 4가지 주요 해법이 있다:
- [0004] **식이 및 호르몬 관리:** 보충제를 사용함으로써 식이를 관리하는 것에 의해 노화 프로세스에 대항함. 이러한 방법은 현재 여전히 논쟁의 여지가 있다. 일부 연구는 예를 들어 비타민 C 또는 리포산과 같은 항산화제 보충제가 항노화 성질이 있을 수 있다고 제안한다.
- [0005] **호르몬 치료:** 항노화 목적을 위한 위험하고 논쟁의 여지가 있는 해법. 광범위한 스펙트럼의 유해 효과가 있을 수 있기 때문에 호르몬에 관련된 모든 것에 매우 주의하여야 한다. 이러한 해법은 널리 사용되지 않고, 대부분의 연구는 여전히 동물 단계에 있다.
- [0006] **외과적 항노화 해법:** 이는 단기간에 매우 효과적이지만, 비용이 많이 들고, 장기 치유를 필요로 할 수 있다. 모든 외과 수술에서와 같이, 위험 뿐만 아니라 부작용도 있다. 예를 들어, 헤어라인에서 절개가 이루어지는 안검형성 및 안면거상과 같은 외과적 항노화 해법 동안, 멍들, 부어오름, 안검 처짐의 위험이 있고, 2차 감염이 발생할 수 있다.
- [0007] 최근, 주름, 부피 감소 및 다른 피부 손상과 같은 문제를 다루도록 디자인된 최소 침습성 치료 및 기술에 대한 열망이 증가해왔다. 가장 통상적인 국소 항노화 해법은 크림 및 세럼이다. 이들의 활성 성분은 여러 부류로 나눌 수 있다:
- [0008] **보습제** 성분은 피부를 수화 상태로 유지시킬 것이다. 대부분 이는 물과 결합을 형성할 대형 극성 분자 예컨대 글리코사미노글리칸 (예를 들어 히알루론산)이다.
- [0009] **콜라겐 및 다른 세포외 기질과 관련된 성분**은 올바른 수용체를 촉발시킬 수 있다면 생합성을 자극하는 것에 의

해 잘 구조화된 피부 구조를 유지시키는데 기여할 것이다.

[0010] 세포 증식 성분 또한 중요한데, 피부 세포를 재생시키는 것을 돕기 때문이고, 이는 피부가 필요로 하는 성분 예컨대 세포의 기질 및 성장 인자를 합성할 것이다.

[0011] 피부 노화의 대안적인 최소 침습성 치료를 제공하는 것이 본 발명의 목표이다.

발명의 내용

[0012] 완두 계놈은 70,000개를 초과하는 상이한 단백질들을 코딩한다. 출원인은 세포 성장 및/또는 증식을 촉진할 수 있는 하나 이상의 펩티드 (이하 "성장 촉진 펩티드" 또는 "성장 촉진 단편")를 각각 함유하는 6개의 이러한 단백질을 확인하였다. 유사하게, 벼 계놈이 코딩하는 60,000개를 초과하는 단백질 중에서, 출원인은 생물활성이고, 전형적으로는 세포 성장 및/또는 증식을 촉진할 수 있는 하나 이상의 펩티드를 각각 함유하는 7개의 단백질을 확인하였다. 14개의 확인된 단백질의 세포 성장 촉진 단편은 엘라스틴 및 콜라겐 생산 및 세포 증식에 대한 효과가 있는 것으로 나타났다 (도 1 내지 109). 천연 펩티드가 유래되는 특이적인 식물 단백질이 서열식별번호: 1-14 및 705 내지 716에서 제공된다. 펩티드가 유래되는 특이적인 완두 단백질은 서열식별번호: 1-2 및 7-10을 포함하고, 펩티드가 유래되는 특이적인 벼 단백질은 서열식별번호: 3-6 및 11-13을 포함한다. 이러한 단백질들의 상동체가 서열식별번호: 525 내지 564에서 기술된다. 완두 단백질에서 최초로 확인된 특이적인 펩티드가 서열식별번호: 15-215 및 283-340에서 제시된다. 벼 단백질에서 최초로 확인된 특이적인 펩티드가 서열식별번호: 216-282 및 341-412에서 제시된다. 본원에 개시된 완두 및 벼 단백질에서 확인된 추가적인 펩티드, 및 그의 변이체가 서열식별번호: 418 내지 515 및 546 내지 704 및 717-775에서 제공된다.

[0013] 제1 측면에서, 본 발명은 전형적으로 아미노산 5 내지 50개의 길이이고, (a) 완두 또는 벼 단백질, 예를 들어 본원에 개시된 완두 및 벼 단백질 예컨대 서열식별번호: 1 내지 14 및 705 내지 716 및 717-732로부터 선택된 것 또는 그의 상동체의 단편 또는 (b) 이러한 단편의 변이체를 포함하는 펩티드, 또는 (c) 이러한 펩티드의 단편 (이하 "본 발명의 펩티드")을 제공한다. 한 실시양태에서, 펩티드는 생물활성이다. 한 실시양태에서, 펩티드는 세포 성장 또는 증식 촉진 활성을 갖는다.

[0014] 한 실시양태에서, 본 발명의 펩티드는 서열식별번호: 15-505 및 546-704 및 717-775로부터 선택된 서열을 포함한다.

[0015] 한 실시양태에서, 본 발명의 펩티드는 서열식별번호: 15-505 및 546-704 및 717-775로부터 선택된 서열로 본질적으로 이루어진다.

[0016] 한 실시양태에서, 본 발명의 펩티드는 약 3-50개의 아미노산으로 이루어진다. 한 실시양태에서, 본 발명의 펩티드는 약 4-50개의 아미노산으로 이루어진다. 한 실시양태에서, 본 발명의 펩티드는 약 5-50개의 아미노산으로 이루어진다. 한 실시양태에서, 본 발명의 펩티드는 약 6-50개의 아미노산으로 이루어진다. 한 실시양태에서, 본 발명의 펩티드는 약 7-50개의 아미노산으로 이루어진다.

[0017] 한 실시양태에서, 단편은 8 내지 37개의 아미노산을 갖는다. 한 실시양태에서, 단편은 전하가 -10 내지 +4이다.

[0018] 바람직하게는, c-말단 아미노산은 시스테인 (C) 또는 메티오닌 (M)이 아니다.

[0019] 바람직하게는, n-말단 아미노산은 시스테인 (C), 히스티딘 (H), 또는 프롤린 (P)이 아니다.

[0020] 바람직하게는, 단편의 c-말단 도메인은 시스테인 (C)을 함유하지 않는다.

[0021] 바람직하게는, 단편의 n-말단 도메인은 시스테인 (C)을 함유하지 않는다.

[0022] 바람직하게는, 단편은 시스테인 (C)을 함유하지 않는다.

[0023] 바람직하게는, 펩티드는 시스테인 (C)을 함유하지 않는다.

[0024] 본 발명의 한 실시양태에서, 펩티드는 서열식별번호: 15 내지 505로부터 선택된 서열을 포함한다.

[0025] 본 발명의 한 실시양태에서, 펩티드는 서열식별번호: 15 내지 505로부터 선택된 서열로 본질적으로 이루어진다.

[0026] 바람직하게는, 단편은 서열식별번호: 15-215 및 283-340, 또는 이러한 단편의 생물활성 변이체로부터 선택된다.

[0027] 바람직하게는, 단편은 서열식별번호: 216-282 및 341-412, 또는 이러한 단편의 생물활성 변이체로부터

선택된다.

- [0028] 바람직하게는, 펩티드는 서열식별번호: 15 내지 417로부터 선택된 단편, 또는 이러한 단편의 생물활성 변이체로 이루어진다.
- [0029] 바람직하게는, 펩티드는 서열식별번호: 15 내지 417로부터 선택된 서열로 이루어진다.
- [0030] 바람직하게는, 단편은 서열식별번호: 413-417, 또는 이러한 단편의 생물활성 변이체로부터 선택된다.
- [0031] 한 실시양태에서, 펩티드는 서열식별번호: 246, 283, 284, 245 및 42로부터 선택된 단편 또는 이러한 단편의 생물활성 변이체를 포함하거나, 또는 이로 이루어진다.
- [0032] 한 실시양태에서, 펩티드는 서열식별번호: 247 내지 268로부터 선택된 단편을 포함한다.
- [0033] 한 실시양태에서, 본 발명의 펩티드는 변형된다. 한 실시양태에서, 펩티드는 보호기로 변형된다. 한 실시양태에서, 펩티드는 그의 친지성을 증가시키도록 변형된다. 한 실시양태에서, 펩티드는 그의 반감기를 증가시키도록 변형된다. 한 실시양태에서, 펩티드의 N 또는 C-말단 아미노산이 변형된다. 한 실시양태에서, 펩티드의 N 또는 C-말단 아미노산이 보호기로 변형된다.
- [0034] [서열식별번호: 1 (완두 단백질 1 - P13918)]
- [0035] 바람직하게는, 펩티드는 서열식별번호: 1의 단백질 또는 그의 상동체의 생물활성 단편, 또는 이러한 단편의 생물활성 변이체를 포함한다.
- [0036] 바람직하게는, 펩티드는 서열식별번호: 15 내지 90으로부터 선택된 생물활성 단편, 또는 이러한 단편의 생물활성 변이체를 포함한다.
- [0037] 본 발명은 적어도 1개, 바람직하게는 적어도 2개, 바람직하게는 적어도 3개, 바람직하게는 적어도 4개, 바람직하게는 적어도 5개, 바람직하게는 적어도 6개, 바람직하게는 적어도 7개, 바람직하게는 적어도 8개, 바람직하게는 적어도 9개, 또는 바람직하게는 적어도 10개의 본 발명의 생물활성 펩티드를 포함하고, 이들 각각이 서열식별번호: 1 또는 그의 상동체의 상이한 생물활성 단편을 전형적으로 포함하는 조성물을 또한 제공한다. 바람직하게는, 조성물은 서열식별번호: 15 내지 90으로부터 선택된 제1 생물활성 단편 (또는 이러한 단편의 생물활성 변이체)을 포함하는 제1 생물활성 펩티드, 및 서열식별번호: 15-90으로부터 선택된 제2 생물활성 단편 (또는 이러한 단편의 생물활성 변이체)을 포함하는 제2 생물활성 펩티드를 포함한다.
- [0038] 한 실시양태에서, 생물활성 펩티드, 변이체 또는 단편은 각각 세포 성장 또는 증식 촉진 펩티드, 변이체 또는 단편이다.
- [0039] 완두 단백질 1 (서열식별번호: 1)의 상동체는 비시아 파바(*Vicia faba*), 시세르 아리에티눔(*Cicer arietinum*) 및 렌스 쿨리나리스(*Lens culinaris*) 상동체 (서열식별번호: 525 내지 527)를 포함한다.
- [0040] [서열식별번호: 2 (완두 단백질 2 - Q9M3X6)]
- [0041] 바람직하게는, 펩티드는 서열식별번호: 2의 단백질 또는 그의 상동체의 생물활성 단편, 또는 이러한 단편의 생물활성 변이체를 포함한다.
- [0042] 바람직하게는, 펩티드는 서열식별번호: 91 내지 215로부터 선택된 생물활성 단편, 또는 이러한 단편의 생물활성 변이체를 포함한다.
- [0043] 본 발명은 적어도 1개, 바람직하게는 적어도 2개, 바람직하게는 적어도 3개, 바람직하게는 적어도 4개, 바람직하게는 적어도 5개, 바람직하게는 적어도 6개, 바람직하게는 적어도 7개, 바람직하게는 적어도 8개, 바람직하게는 적어도 9개, 또는 바람직하게는 적어도 10개의 본 발명의 생물활성 펩티드를 포함하고, 이들 각각이 서열식별번호: 2 또는 그의 상동체의 상이한 생물활성 단편을 포함하는 조성물을 또한 제공한다. 바람직하게는, 조성물은 서열식별번호: 91-215로부터 선택된 생물활성 단편을 포함하는 제1 생물활성 펩티드, 및 서열식별번호: 91-215로부터 선택된 생물활성 단편을 포함하는 제2 생물활성 펩티드를 포함한다.
- [0044] 한 실시양태에서, 생물활성 펩티드, 변이체 또는 단편은 각각 세포 성장 또는 증식 촉진 펩티드, 변이체 또는 단편이다.
- [0045] 완두 단백질 2 (서열식별번호: 2)의 상동체는 피숨 아비시니쿰(*Pisum abyssinicum*), 라티루스 안누우스(*Lathyrus annuus*), 및 비시아 빌로사(*Vicia villosa*) (서열식별번호: 528 내지 530)를 포함한다.

- [0046] [서열식별번호: 3 (벼 단백질 1 - Q0DEV5)]
- [0047] 바람직하게는, 펩티드는 서열식별번호: 3의 단백질 또는 그의 상동체의 생물활성 단편, 또는 이러한 단편의 생물활성 변이체를 포함한다.
- [0048] 바람직하게는, 펩티드는 서열식별번호: 216-244로부터 선택된 생물활성 단편, 또는 이러한 단편의 생물활성 변이체를 포함한다.
- [0049] 본 발명은 적어도 1개, 바람직하게는 적어도 2개, 바람직하게는 적어도 3개, 바람직하게는 적어도 4개, 바람직하게는 적어도 5개, 바람직하게는 적어도 6개, 바람직하게는 적어도 7개, 바람직하게는 적어도 8개, 바람직하게는 적어도 9개, 또는 바람직하게는 적어도 10개의 본 발명의 생물활성 펩티드를 포함하고, 이들 각각이 서열식별번호: 3 또는 그의 상동체의 상이한 생물활성 단편을 포함하는 조성물을 또한 제공한다. 바람직하게는, 조성물은 서열식별번호: 216-244로부터 선택된 생물활성 단편을 포함하는 제1 생물활성 펩티드, 및 서열식별번호: 216-244로부터 선택된 생물활성 단편을 포함하는 제2 생물활성 펩티드를 포함한다.
- [0050] 한 실시양태에서, 생물활성 펩티드, 변이체 또는 단편은 각각 세포 성장 또는 증식 촉진 펩티드, 변이체 또는 단편이다.
- [0051] 벼 단백질 1 (서열식별번호: 15)의 상동체는 오리자 루피포곤(*Oryza rufipogon*), 오리자 오피시날리스(*Oryza officinalis*), 호르데움 불가레 아종 불가레(*Hordeum vulgare* subsp. *vulgare*) (서열식별번호: 531 내지 533)를 포함한다.
- [0052] [서열식별번호: 4 (벼 단백질 2 - P14323)]
- [0053] 바람직하게는, 펩티드는 서열식별번호: 4의 단백질 또는 그의 상동체의 생물활성 단편, 또는 이러한 단편의 생물활성 변이체를 포함한다.
- [0054] 바람직하게는, 펩티드는 서열식별번호: 245-246으로부터 선택된 생물활성 단편, 또는 이러한 단편의 생물활성 변이체를 포함한다.
- [0055] 본 발명은 적어도 하나 이상의 본 발명의 펩티드를 포함하고, 이러한 펩티드가 서열식별번호: 4 또는 그의 상동체의 상이한 생물활성 단편을 포함하는 조성물을 또한 제공한다. 바람직하게는, 조성물은 서열식별번호: 245의 생물활성 단편을 포함하는 제1 펩티드 및 서열식별번호: 246의 생물활성 단편을 포함하는 제2 펩티드를 포함한다.
- [0056] 한 실시양태에서, 생물활성 펩티드, 변이체 또는 단편은 각각 세포 성장 또는 증식 촉진 펩티드, 변이체 또는 단편이다.
- [0057] 벼 단백질 2 (서열식별번호: 4)의 상동체는 오리자 브라키안타(*Oryza brachyantha*), 및 지자니아 라티폴리아(*Zizania latifolia*) (서열식별번호: 534 내지 536)를 포함한다.
- [0058] [서열식별번호: 5 (벼 단백질 3 - P29835)]
- [0059] 바람직하게는, 펩티드는 서열식별번호: 5의 단백질 또는 그의 상동체의 생물활성 단편, 또는 이러한 단편의 생물활성 변이체를 포함한다.
- [0060] 바람직하게는, 펩티드는 서열식별번호: 247-268로부터 선택된 생물활성 단편, 또는 이러한 단편의 생물활성 변이체를 포함한다.
- [0061] 본 발명은 적어도 1개, 바람직하게는 적어도 2개, 바람직하게는 적어도 3개, 바람직하게는 적어도 4개, 바람직하게는 적어도 5개, 바람직하게는 적어도 6개, 바람직하게는 적어도 7개, 바람직하게는 적어도 8개, 바람직하게는 적어도 9개, 또는 바람직하게는 적어도 10개의 본 발명의 생물활성 펩티드를 포함하고, 이들 각각이 서열식별번호: 5 또는 그의 상동체의 상이한 생물활성 단편을 포함하는 조성물을 또한 제공한다. 바람직하게는, 조성물은 서열식별번호: 247-268로부터 선택된 생물활성 단편을 포함하는 제1 생물활성 펩티드, 및 서열식별번호: 247-268로부터 선택된 생물활성 단편을 포함하는 제2 생물활성 펩티드를 포함한다.
- [0062] 한 실시양태에서, 생물활성 펩티드, 변이체 또는 단편은 각각 세포 성장 또는 증식 촉진 펩티드, 변이체 또는 단편이다.
- [0063] 벼 단백질 3 (서열식별번호: 5)의 상동체는 제아 마이스(*Zea Mays*), 소르굼 비콜로르(*Sorghum bicolor*) 및 세타

리아 이탈리아(Setaria italica) (서열식별번호: 537 내지 539)를 포함한다.

[0064] [서열식별번호: 6 (벼 단백질 4 - P14614)]

[0065] 바람직하게는, 펩티드는 서열식별번호: 6의 단백질 또는 그의 상동체의 생물활성 단편, 또는 이러한 단편의 생물활성 변이체를 포함한다.

[0066] 바람직하게는, 펩티드는 서열식별번호: 269-282로부터 선택된 생물활성 단편, 또는 이러한 단편의 생물활성 변이체를 포함한다.

[0067] 본 발명은 적어도 1개, 바람직하게는 적어도 2개, 바람직하게는 적어도 3개, 바람직하게는 적어도 4개, 바람직하게는 적어도 5개, 바람직하게는 적어도 6개, 바람직하게는 적어도 7개, 바람직하게는 적어도 8개, 바람직하게는 적어도 9개, 또는 바람직하게는 적어도 10개의 본 발명의 생물활성 펩티드를 포함하고, 이들 각각이 서열식별번호: 6 또는 그의 상동체의 상이한 생물활성 단편을 포함하는 조성물을 또한 제공한다. 바람직하게는, 조성물은 서열식별번호: 269-282로부터 선택된 생물활성 단편을 포함하는 제1 생물활성 펩티드, 및 서열식별번호: 269-282로부터 선택된 생물활성 단편을 포함하는 제2 생물활성 펩티드를 포함한다.

[0068] 한 실시양태에서, 생물활성 펩티드, 변이체 또는 단편은 각각 세포 성장 또는 증식 촉진 펩티드, 변이체 또는 단편이다.

[0069] 벼 단백질 4 (서열식별번호: 6)의 상동체는 오리자 사티바 자포니카(Oryza sativa Japonica) 군, 브라키포디움 디스타키온(Brachypodium distachyon) (서열식별번호: 540 내지 542)을 포함한다.

[0070] [서열식별번호: 7 (완두 단백질 3 - P09918)]

[0071] 바람직하게는, 펩티드는 서열식별번호: 7의 단백질 또는 그의 상동체의 생물활성 단편, 또는 이러한 단편의 생물활성 변이체를 포함한다.

[0072] 바람직하게는, 펩티드는 서열식별번호: 283의 생물활성 단편, 또는 이러한 단편의 생물활성 변이체를 포함한다.

[0073] 본 발명은 적어도 1개, 바람직하게는 적어도 2개, 바람직하게는 적어도 3개, 바람직하게는 적어도 4개, 바람직하게는 적어도 5개, 바람직하게는 적어도 6개, 바람직하게는 적어도 7개, 바람직하게는 적어도 8개, 바람직하게는 적어도 9개, 또는 바람직하게는 적어도 10개의 본 발명의 생물활성 펩티드를 포함하고, 이들 각각이 서열식별번호: 7 또는 그의 상동체의 상이한 생물활성 단편을 포함하는 조성물을 또한 제공한다. 바람직하게는, 조성물은 서열식별번호: 283의 생물활성 단편, 또는 이러한 단편의 생물활성 변이체를 포함한다.

[0074] 한 실시양태에서, 생물활성 펩티드, 변이체 또는 단편은 각각 세포 성장 또는 증식 촉진 펩티드, 변이체 또는 단편이다.

[0075] 완두 단백질 3 (서열식별번호: 7)의 상동체는 메디카고 트룬카툴라(Medicago truncatula), 글리신 소야(Glycine soja), 및 파세올루스 불가리스(Phaseolus vulgaris) (서열식별번호: 543 내지 545)를 포함한다.

[0076] [서열식별번호: 8 (완두 단백질 4 - P02857)]

[0077] 바람직하게는, 펩티드는 서열식별번호: 8의 단백질 또는 그의 상동체의 생물활성 단편, 또는 이러한 단편의 생물활성 변이체를 포함한다.

[0078] 바람직하게는, 펩티드는 서열식별번호: 284-307로부터 선택된 생물활성 단편, 또는 이러한 단편의 생물활성 변이체를 포함한다.

[0079] 본 발명은 적어도 1개, 바람직하게는 적어도 2개, 바람직하게는 적어도 3개, 바람직하게는 적어도 4개, 바람직하게는 적어도 5개, 바람직하게는 적어도 6개, 바람직하게는 적어도 7개, 바람직하게는 적어도 8개, 바람직하게는 적어도 9개, 또는 바람직하게는 적어도 10개의 본 발명의 생물활성 펩티드를 포함하고, 이들 각각이 서열식별번호: 8 또는 그의 상동체의 상이한 생물활성 단편을 포함하는 조성물을 또한 제공한다. 바람직하게는, 조성물은 서열식별번호: 284-307로부터 선택된 생물활성 단편을 포함하는 제1 생물활성 펩티드, 및 서열식별번호: 284-307로부터 선택된 생물활성 단편을 포함하는 제2 생물활성 펩티드를 포함한다.

[0080] 한 실시양태에서, 생물활성 펩티드, 변이체 또는 단편은 각각 세포 성장 또는 증식 촉진 펩티드, 변이체 또는 단편이다.

[0081] 완두 단백질 4 (서열식별번호: 8)의 상동체는 비시아 사티바(Vicia sativa), 비시아 나르보넨시스(Vicia

narbonensis) 및 시세르 아리에티눔 (서열식별번호: 546 내지 548)을 포함한다.

[서열식별번호: 9 (완두 단백질 5 - P02855)]

바람직하게는, 펩티드는 서열식별번호: 9의 단백질 또는 그의 상동체의 생물활성 단편, 또는 이러한 단편의 생물활성 변이체를 포함한다.

바람직하게는, 펩티드는 서열식별번호: 308-339로부터 선택된 생물활성 단편, 또는 이러한 단편의 생물활성 변이체를 포함한다.

본 발명은 적어도 1개, 바람직하게는 적어도 2개, 바람직하게는 적어도 3개, 바람직하게는 적어도 4개, 바람직하게는 적어도 5개, 바람직하게는 적어도 6개, 바람직하게는 적어도 7개, 바람직하게는 적어도 8개, 바람직하게는 적어도 9개, 또는 바람직하게는 적어도 10개의 본 발명의 생물활성 펩티드를 포함하고, 이들 각각이 서열식별번호: 9 또는 그의 상동체의 상이한 생물활성 단편을 포함하는 조성물을 또한 제공한다. 바람직하게는, 조성물은 서열식별번호: 308-339로부터 선택된 생물활성 단편을 포함하는 제1 생물활성 펩티드, 및 서열식별번호: 308-339로부터 선택된 생물활성 단편을 포함하는 제2 생물활성 펩티드를 포함한다.

한 실시양태에서, 생물활성 펩티드, 변이체 또는 단편은 각각 세포 성장 또는 증식 촉진 펩티드, 변이체 또는 단편이다.

완두 단백질 5 (서열식별번호: 9)의 상동체는 라티루스 히르수투스(Lathyrus hirsutus), 라티루스 시세라(Lathyrus cicera), 라티루스 사티부스(Lathyrus sativus) (서열식별번호: 549 내지 551)를 포함한다.

[서열식별번호: 10 (완두 단백질 6 - D3VNE1)]

바람직하게는, 펩티드는 서열식별번호: 10의 단백질 또는 그의 상동체의 생물활성 단편, 또는 이러한 단편의 생물활성 변이체를 포함한다.

바람직하게는, 펩티드는 서열식별번호: 340의 생물활성 단편, 또는 이러한 단편의 생물활성 변이체를 포함한다.

본 발명은 적어도 1개, 바람직하게는 적어도 2개, 바람직하게는 적어도 3개, 바람직하게는 적어도 4개, 바람직하게는 적어도 5개, 바람직하게는 적어도 6개, 바람직하게는 적어도 7개, 바람직하게는 적어도 8개, 바람직하게는 적어도 9개, 또는 바람직하게는 적어도 10개의 본 발명의 생물활성 펩티드를 포함하고, 이들 각각이 서열식별번호: 10 또는 그의 상동체의 상이한 생물활성 단편을 포함하는 조성물을 또한 제공한다. 바람직하게는, 조성물은 서열식별번호: 340의 생물활성 단편을 포함하는 제1 생물활성 펩티드를 포함한다.

한 실시양태에서, 생물활성 펩티드, 변이체 또는 단편은 각각 세포 성장 또는 증식 촉진 펩티드, 변이체 또는 단편이다.

완두 단백질 6 (서열식별번호: 10)의 상동체는 메디카고 트룬카툴라, 비시아 페레그리나(Vicia peregrina), 및 비시아 루테아(Vicia lutea) (서열식별번호: 552 내지 554)를 포함한다.

[서열식별번호: 11 (벼 단백질 5 - P07728)]

바람직하게는, 펩티드는 서열식별번호: 11의 단백질 또는 그의 상동체의 생물활성 단편, 또는 이러한 단편의 생물활성 변이체를 포함한다.

바람직하게는, 펩티드는 서열식별번호: 341-358로부터 선택된 생물활성 단편, 또는 이러한 단편의 생물활성 변이체를 포함한다.

본 발명은 적어도 1개, 바람직하게는 적어도 2개, 바람직하게는 적어도 3개, 바람직하게는 적어도 4개, 바람직하게는 적어도 5개, 바람직하게는 적어도 6개, 바람직하게는 적어도 7개, 바람직하게는 적어도 8개, 바람직하게는 적어도 9개, 또는 바람직하게는 적어도 10개의 본 발명의 생물활성 펩티드를 포함하고, 이들 각각이 서열식별번호: 11 또는 그의 상동체의 상이한 생물활성 단편을 포함하는 조성물을 또한 제공한다. 바람직하게는, 조성물은 서열식별번호: 341-358로부터 선택된 생물활성 단편을 포함하는 제1 생물활성 펩티드, 및 서열식별번호: 341-358로부터 선택된 생물활성 단편을 포함하는 제2 생물활성 펩티드를 포함한다.

한 실시양태에서, 생물활성 펩티드, 변이체 또는 단편은 각각 세포 성장 또는 증식 촉진 펩티드, 변이체 또는 단편이다.

벼 단백질 5 (서열식별번호: 11)의 상동체는 오리자 사티바 인디카(Oryza sativa Indica) 군, 지자니아 라티폴

리아, 아베나 사티바(Avena sativa) (서열식별번호: 555 내지 557)를 포함한다.

[0100] [서열식별번호: 12 (벼 단백질 6 - P07730)]

[0101] 바람직하게는, 펩티드는 서열식별번호: 12의 단백질 또는 그의 상동체의 생물활성 단편, 또는 이러한 단편의 생물활성 변이체를 포함한다.

[0102] 바람직하게는, 펩티드는 서열식별번호: 359-401로부터 선택된 생물활성 단편, 또는 이러한 단편의 생물활성 변이체를 포함한다

[0103] 본 발명은 적어도 1개, 바람직하게는 적어도 2개, 바람직하게는 적어도 3개, 바람직하게는 적어도 4개, 바람직하게는 적어도 5개, 바람직하게는 적어도 6개, 바람직하게는 적어도 7개, 바람직하게는 적어도 8개, 바람직하게는 적어도 9개, 또는 바람직하게는 적어도 10개의 본 발명의 생물활성 펩티드를 포함하고, 이들 각각이 서열식별번호: 12 또는 그의 상동체의 상이한 생물활성 단편을 포함하는 조성물을 또한 제공한다. 바람직하게는, 조성물은 서열식별번호: 359-401로부터 선택된 생물활성 단편을 포함하는 제1 생물활성 펩티드, 및 서열식별번호: 359-401로부터 선택된 생물활성 단편을 포함하는 제2 생물활성 펩티드를 포함한다.

[0104] 한 실시양태에서, 생물활성 펩티드, 변이체 또는 단편은 각각 세포 성장 또는 증식 촉진 펩티드, 변이체 또는 단편이다.

[0105] 벼 단백질 6 (서열식별번호: 12)의 상동체는 오리자 브라키안타, 브라키포디움 디스타키온 (서열식별번호: 558 내지 560)을 포함한다.

[0106] [서열식별번호: 13 (벼 단백질 7 - Q0D7S0)]

[0107] 바람직하게는, 펩티드는 서열식별번호: 13의 단백질 또는 그의 상동체의 생물활성 단편, 또는 이러한 단편의 생물활성 변이체를 포함한다.

[0108] 바람직하게는, 펩티드는 서열식별번호: 402-412로부터 선택된 생물활성 단편, 또는 이러한 단편의 생물활성 변이체를 포함한다

[0109] 본 발명은 적어도 1개, 바람직하게는 적어도 2개, 바람직하게는 적어도 3개, 바람직하게는 적어도 4개, 바람직하게는 적어도 5개, 바람직하게는 적어도 6개, 바람직하게는 적어도 7개, 바람직하게는 적어도 8개, 바람직하게는 적어도 9개, 또는 바람직하게는 적어도 10개의 본 발명의 생물활성 펩티드를 포함하고, 이들 각각이 서열식별번호: 13 또는 그의 상동체의 상이한 생물활성 단편을 포함하는 조성물을 또한 제공한다. 바람직하게는, 조성물은 서열식별번호: 402-412로부터 선택된 생물활성 단편을 포함하는 제1 생물활성 펩티드, 및 서열식별번호: 402-412로부터 선택된 생물활성 단편을 포함하는 제2 생물활성 펩티드를 포함한다.

[0110] 한 실시양태에서, 생물활성 펩티드, 변이체 또는 단편은 각각 세포 성장 또는 증식 촉진 펩티드, 변이체 또는 단편이다.

[0111] 벼 단백질 7 (서열식별번호: 13)의 상동체는 오리자 사티바 인디카 군, 지자니아 라티폴리아, 아베나 사티바 (서열식별번호: 561 내지 564)를 포함한다.

[0112] [서열식별번호: 14 (스타필로코쿠스 아우레우스(Staphylococcus Aureus) 단백질 1 - P0C1U8)]

[0113] 바람직하게는, 펩티드는 서열식별번호: 14의 단백질 또는 그의 상동체의 단편을 포함한다.

[0114] 바람직하게는, 펩티드는 서열식별번호: 413-417로부터 선택된 생물활성 단편, 또는 이러한 단편의 생물활성 변이체를 포함한다

[0115] 본 발명은 적어도 1개, 바람직하게는 적어도 2개, 바람직하게는 적어도 3개, 바람직하게는 적어도 4개, 바람직하게는 적어도 5개, 바람직하게는 적어도 6개, 바람직하게는 적어도 7개, 바람직하게는 적어도 8개, 바람직하게는 적어도 9개, 또는 바람직하게는 적어도 10개의 본 발명의 생물활성 펩티드를 포함하고, 이들 각각이 서열식별번호: 14 또는 그의 상동체의 상이한 생물활성 단편을 포함하는 조성물을 또한 제공한다. 바람직하게는, 조성물은 서열식별번호: 413-417로부터 선택된 생물활성 단편을 포함하는 제1 생물활성 펩티드, 및 서열식별번호: 413-417로부터 선택된 생물활성 단편을 포함하는 제2 생물활성 펩티드를 포함한다.

[0116] 한 실시양태에서, 생물활성 펩티드, 변이체 또는 단편은 각각 세포 성장 또는 증식 촉진 펩티드, 변이체 또는 단편이다.

- [0117] 스타필로코쿠스 아우레우스 단백질 1 (서열식별번호: 14)의 상동체는 하기를 포함한다:
- [0118] >gi|580560623|gb|EVF84961.1| 글루타밀 엔도펩티다제 [스타필로코쿠스 아우레우스 COAS6020]
>gi|580687002|gb|EVH10169.1| 글루타밀 엔도펩티다제 [스타필로코쿠스 아우레우스 UCIM6080]
>gi|751815683|gb|KIN24957.1| 글루타밀 엔도펩티다제 [스타필로코쿠스 아우레우스 MRSA_CVM43477]
>gi|781884797|dbj|BAR08486.1| 글루타밀 엔도펩티다제 전구체 [스타필로코쿠스 아우레우스 아종 아우레우스 (Staphylococcus aureus subsp. aureus)] >gi|781887762|dbj|BAR11210.1| 글루타밀 엔도펩티다제 전구체 [스타필로코쿠스 아우레우스 아종 아우레우스]
- [0119] 본 발명은 적어도 하나, 바람직하게는 복수의 본 발명의 펩티드를 포함하고, 각각의 본 발명의 펩티드가 서열식별번호: 1 내지 14 또는 그의 상동체로부터 예를 들어 선택되는 본원에 개시된 단백질의 생물활성 단편, 또는 이러한 단편의 생물활성 변이체를 포함하는 조성물을 또한 제공한다.
- [0120] 전형적으로, 본 발명의 펩티드 또는 각각의 본 발명의 펩티드는 서열식별번호: 15-505 및 546 내지 704 및 717-775로부터 선택된 생물활성 단편, 또는 이러한 단편의 생물활성 변이체를 포함한다.
- [0121] 전형적으로, 본 발명의 펩티드 또는 각각의 본 발명의 펩티드는 서열식별번호: 15-505 및 546 내지 704 및 717-775로부터 선택된 생물활성 단편, 또는 이러한 단편의 생물활성 변이체로부터 선택된다.
- [0122] 본 발명은 적어도 하나, 바람직하게는 복수의 본 발명의 펩티드를 포함하고, 본 발명의 펩티드 또는 각각의 본 발명의 펩티드가 서열식별번호: 1-2 및 7-10으로부터 전형적으로 선택되는 본원에 개시된 완두 또는 벼 단백질의 생물활성 단편을 포함하는 조성물을 또한 제공한다. 전형적으로, 본 발명의 펩티드 또는 각각의 본 발명의 펩티드는 서열식별번호: 15-215 및 283 내지 340으로부터 선택된 생물활성 단편 또는 이러한 단편의 생물활성 변이체로부터 선택되거나, 또는 이를 포함한다.
- [0123] 본 발명은 적어도 하나, 바람직하게는 복수의 본 발명의 펩티드를 포함하고, 본 발명의 펩티드 또는 각각의 본 발명의 펩티드가 서열식별번호: 3-6 및 11-13으로부터 전형적으로 선택되는 본원에 개시된 단백질의 생물활성 단편을 포함하는 조성물을 또한 제공한다. 전형적으로, 본 발명의 펩티드 또는 각각의 본 발명의 펩티드는 서열식별번호: 216-282 및 341-412로부터 선택된 생물활성 단편 또는 이러한 단편의 생물활성 변이체로부터 선택되거나, 또는 이를 포함한다.
- [0124] 바람직하게는, 조성물은 적어도 2개의 별개의 본 발명의 성장 촉진 펩티드를 포함한다.
- [0125] 바람직하게는, 조성물은 적어도 3개의 별개의 본 발명의 성장 촉진 펩티드를 포함한다.
- [0126] 바람직하게는, 조성물은 적어도 4개의 별개의 본 발명의 성장 촉진 펩티드를 포함한다.
- [0127] 바람직하게는, 조성물은 적어도 5개의 별개의 본 발명의 성장 촉진 펩티드를 포함한다.
- [0128] 바람직하게는, 조성물은 적어도 6개의 별개의 본 발명의 성장 촉진 펩티드를 포함한다.
- [0129] 바람직하게는, 조성물은 적어도 7개의 별개의 본 발명의 성장 촉진 펩티드를 포함한다.
- [0130] 바람직하게는, 조성물은 적어도 8개의 별개의 본 발명의 성장 촉진 펩티드를 포함한다.
- [0131] 바람직하게는, 조성물은 적어도 9개의 별개의 본 발명의 성장 촉진 펩티드를 포함한다.
- [0132] 바람직하게는, 조성물은 적어도 10개의 별개의 본 발명의 성장 촉진 펩티드를 포함한다.
- [0133] 한 실시양태에서, 조성물은 서열식별번호: 247 내지 268 중 하나 이상을 포함한다.
- [0134] 한 실시양태에서, 조성물은 서열식별번호: 248, 249, 252, 253 및 257 중 하나 이상을 포함한다.
- [0135] 한 실시양태에서, 본 발명은 실질적으로 모든 서열식별번호: 15-215 및 283-340의 단편 또는 이러한 단편의 성장 촉진 변이체, 또는 이러한 성장 촉진 단편 및 변이체의 혼합물을 포함하는 조성물을 포함한다.
- [0136] 한 실시양태에서, 본 발명은 실질적으로 모든 서열식별번호: 216-282 및 341-412의 단편 또는 이러한 단편의 성장 촉진 변이체, 또는 이러한 성장 촉진 단편 및 변이체의 혼합물을 포함하는 조성물을 포함한다.
- [0137] 한 실시양태에서, 조성물은 10 KD 미만의 분자량을 갖는 펩티드가 강화된다.
- [0138] 한 실시양태에서, 조성물은 파우더이다.

- [0139] 본 발명은 상처에 적용하는데 적절하고 본 발명의 펩티드 또는 조성물을 포함하는 플라스터, 밴디지 또는 드레싱에 또한 관련된다.
- [0140] 본 발명은 본 발명의 펩티드를 포함하는 인공 세포 배양 배지에 또한 관련된다. 본 발명은 본 발명의 조성물을 포함하는 인공 세포 배양 배지에 또한 관련된다. 한 실시양태에서, 세포 배양 배지는 진핵생물 세포 배양용으로 제형화된다. 한 실시양태에서, 세포 배양 배지는 원핵생물 세포 배양용으로 제형화된다.
- [0141] 본 발명은 상처에 적용하는데 적절하고 본 발명의 펩티드 또는 조성물을 포함하는 플라스터, 밴디지 또는 드레싱에 또한 관련된다.
- [0142] 본 발명은 본 발명의 성장 촉진 펩티드를 포함하는 식료품에 또한 관련된다. 바람직하게는, 식료품은 인공적이다.
- [0143] 본 발명은 본 발명의 펩티드의 조성물을 포함하는 식료품에 또한 관련된다. 바람직하게는, 식료품은 인공적이다.
- [0144] 바람직하게는, 식료품은 인간 또는 동물 (포유동물) 또는 세포 소비용 식제품이다.
- [0145] 한 실시양태에서, 인공 식료품은 음료이다. 한 실시양태에서, 인공 식료품은 빵/과자류 제품이다. 한 실시양태에서, 인공 식료품은 낙농 제품이다. 한 실시양태에서, 인공 식료품은 스낵 제품이다. 한 실시양태에서, 인공 식료품은 구운 압출 식제품이다. 한 실시양태에서, 인공 식료품은 분유이다. 한 실시양태에서, 인공 식료품은 유아용 유동식 제품이다. 한 실시양태에서, 인공 식료품은 과자류 제품이다. 한 실시양태에서, 인공 식료품은 요거트이다. 한 실시양태에서, 인공 식료품은 요거트 음료이다. 한 실시양태에서, 인공 식료품은 아이스크림 제품이다. 한 실시양태에서, 인공 식료품은 냉동 식제품이다. 한 실시양태에서, 인공 식료품은 아침식사용 시리얼이다. 한 실시양태에서, 인공 식료품은 빵이다. 한 실시양태에서, 인공 식료품은 가미유 음료이다. 한 실시양태에서, 인공 식료품은 과자류 바이다. 한 실시양태에서, 인공 식료품은 차 또는 차 제품이다. 한 실시양태에서, 인공 식료품은 구운 압출 스낵 제품이다. 한 실시양태에서, 인공 식료품은 튀긴 스낵 제품이다. 한 실시양태에서, 인공 식료품은 영양 보충제이다. 한 실시양태에서, 인공 식료품은 스포츠 영양 제품이다. 한 실시양태에서, 인공 식료품은 유아용 식제품이다. 한 실시양태에서, 인공 식료품은 면역손상 개체를 위한 특수 식제품이다. 한 실시양태에서, 인공 식료품은 노인 환자용 식품이다.
- [0146] 본 발명은 세포 성장을 촉진하는데 사용하기 위한 본 발명의 펩티드에 또한 관련된다.
- [0147] 본 발명은 세포 배양물의 성장을 촉진하는데 사용하기 위한 본 발명의 펩티드에 또한 관련된다.
- [0148] 본 발명은 조직 성장을 촉진하는데 사용하기 위한 본 발명의 펩티드에 또한 관련된다.
- [0149] 본 발명은 진피 또는 상피 조직의 성장을 촉진하는데 사용하기 위한 본 발명의 펩티드에 또한 관련된다.
- [0150] 본 발명은 피부 성장을 촉진하는데 사용하기 위한 본 발명의 펩티드에 또한 관련된다.
- [0151] 본 발명은 기관 성장을 촉진하는데 사용하기 위한 본 발명의 펩티드에 또한 관련된다.
- [0152] 본 발명은 생물 성장을 촉진하는데 사용하기 위한 본 발명의 펩티드에 또한 관련된다.
- [0153] 본 발명은 세포 성장을 촉진하는데 사용하기 위한 본 발명의 조성물에 또한 관련된다.
- [0154] 본 발명은 세포 배양물의 성장을 촉진하는데 사용하기 위한 본 발명의 조성물에 또한 관련된다.
- [0155] 본 발명은 조직 성장을 촉진하는데 사용하기 위한 본 발명의 조성물에 또한 관련된다.
- [0156] 본 발명은 상피 조직의 성장을 촉진하는데 사용하기 위한 본 발명의 조성물에 또한 관련된다.
- [0157] 본 발명은 피부 성장을 촉진하는데 사용하기 위한 본 발명의 조성물에 또한 관련된다.
- [0158] 본 발명은 기관 성장을 촉진하는데 사용하기 위한 본 발명의 조성물에 또한 관련된다.
- [0159] 본 발명은 생물 성장을 촉진하는데 사용하기 위한 본 발명의 조성물에 또한 관련된다.
- [0160] 한 실시양태에서, 세포, 조직 또는 생물은 정상적인 병리상태를 갖는다 (예를 들어, 노화 피부). 본 발명의 한 실시양태에서, 세포, 조직 또는 피부는 비정상적인 병리상태를 갖는다 (예를 들어, 외상, 약물 사용으로 인해 손상된 조직, 또는 염증성 장애로 인해 손상된 GI 관 내의 상피 조직).

- [0161] 성장 촉진 용도는 생체-내 또는 시험관-내 용도일 수 있다. 성장 촉진 용도는 포유동물에게 외부로 (즉, 피부에) 또는 내부로 (즉, GI 관에) 투여하는 것을 수반할 수 있다.
- [0162] 본 발명은 인간 피부의 노화를 늦추거나 억제하는데 사용하기 위한 본 발명의 펩티드에 또한 관련된다.
- [0163] 본 발명은 본 발명의 펩티드를 인간 피부에 투여하는 단계를 포함하는, 인간 피부의 노화를 늦추거나 억제하는 방법에 또한 관련된다. 전형적으로, 본 발명의 펩티드는 피부에 국소적으로 투여된다. 투여는 플라스터 또는 패치, 또는 국소 적용에 적절한 제형에 의한 것일 수 있다.
- [0164] 본 발명은 인간 피부의 노화를 늦추거나 억제하는데 사용하기 위한 본 발명의 조성물에 또한 관련된다. 본 발명은 인간 피부의 노화를 방지하거나 늦추는데 사용하기 위한 본 발명의 펩티드에 또한 관련된다.
- [0165] 본 발명은 본 발명의 조성물을 인간 피부에 투여하는 단계를 포함하는, 인간 피부의 노화를 늦추거나 억제하는 방법에 또한 관련된다. 전형적으로, 본 발명의 조성물은 피부에 국소적으로 투여된다.
- [0166] 본 발명은 포유동물에서의 상처 치료에서 사용하기 위한 본 발명의 펩티드에 또한 관련된다.
- [0167] 본 발명은 포유동물에서의 상처 치료에서 사용하기 위한 본 발명의 펩티드의 조성물에 또한 관련된다.
- [0168] 본 발명은 포유동물에서의 상처 치료에서 사용하기 위한 본 발명의 상처 치료 조성물 또는 제품에 또한 관련된다.
- [0169] 본 발명은 손상된 상피 세포 또는 조직을 특징으로 하는 질환 또는 병태의 치료 또는 예방에서 사용하기 위한 본 발명의 펩티드에 또한 관련된다.
- [0170] 본 발명은 손상된 진피 또는 상피 세포 또는 조직을 특징으로 하는 질환 또는 병태의 치료 또는 예방에서 사용하기 위한 본 발명의 펩티드의 조성물에 또한 관련된다.
- [0171] 한 실시양태에서, 손상된 진피 또는 상피 세포 또는 조직을 특징으로 하는 질환 또는 병태는 암, 외상으로부터 선택된다.
- [0172] 본 발명은 포유동물에서 장 건강을 유지 또는 복구시키는데 사용하기 위한 본 발명의 펩티드에 또한 관련된다.
- [0173] 본 발명은 포유동물에서 장 건강을 유지 또는 복구시키는데 사용하기 위한 본 발명의 펩티드의 조성물에 또한 관련된다.
- [0174] 본 발명은 포유동물에서 근육 건강 (예를 들어 체지방 조직 질량)을 유지 또는 복구시키는데 사용하기 위한 본 발명의 펩티드에 또한 관련된다.
- [0175] 본 발명은 포유동물에서 근육 건강 (예를 들어 체지방 조직 질량)을 유지 또는 복구시키는데 사용하기 위한 본 발명의 펩티드의 조성물에 또한 관련된다.
- [0176] 본 발명은 제약상 허용되는 담체와 조합된 본 발명의 펩티드를 포함하는 제약 조성물에 또한 관련된다.
- [0177] 본 발명은 제약상 허용되는 담체와 조합된 본 발명의 펩티드의 조성물을 포함하는 제약 조성물에 또한 관련된다.
- [0178] 본 발명은 포유동물에서의 염증성 장애의 치료 또는 예방에서 사용하기 위한 본 발명의 펩티드에 또한 관련된다.
- [0179] 본 발명은 포유동물에서의 염증성 장애의 치료 또는 예방에서 사용하기 위한 본 발명의 조성물에 또한 관련된다.
- [0180] 본 발명은 본 발명의 펩티드 또는 조성물을 포함하는 식료품, 예를 들어 식제품, 예를 들어 낙농 제품 또는 비-낙농 제품, 고형 식품 또는 음료, 식품 첨가물 또는 보충제에 또한 관련된다. 낙농 제품은 밀크, 치즈, 또는 요거트일 수 있다. 한 실시양태에서, 식제품은 스낵 바이다. 식제품은 본 발명의 조성물을 임의의 양으로, 예를 들어 0.1% 내지 30% (w/w)로 포함할 수 있다.
- [0181] 본 발명의 펩티드는 원하는 효과를 달성하기 위한 화장용 또는 제약상 유효 농도로 본 발명의 국소용 화장 또는 제약 조성물에서 사용된다; 조성물의 총 중량에 관련하여 바람직한 형태에서, 0.00000001% (중량) 내지 20% (중량); 바람직하게는 0.000001% (중량) 내지 15% (중량), 더욱 바람직하게는 0.0001% (중량) 내지 10% (중량), 더욱 더 바람직하게는 0.0001% (중량) 내지 5% (중량). 이상적으로는, 본 발명의 펩티드는 바람직하게는 약

0.00001% w/w 내지 약 0.5% w/w [0.1 내지 5000 ppm], 더욱 바람직하게는 0.00005 w/w 내지 약 0.05 w/w [0.5 내지 500 ppm], 가장 바람직하게는 조성물의 약 0.0001 w/w 내지 약 0.01 w/w [1 내지 100 ppm]으로 사용된다. 이상적으로는, 본 발명의 펩티드는 바람직하게는 조성물의 약 0.0001% w/w 내지 약 0.004% w/w로 사용된다.

[0182] 본 발명의 펩티드의 조성물에 대해, 전형적인 1일 투여량은 0.2 g 내지 100 g일 수 있다. 그러나, 특수 의약 목적 식품, 또는 의료용 식품으로서 투여되는 경우, 1일 투여량은 50-500 g/일일 수 있다.

[0183] 식제품 및 식품 보충제 (즉, 식료품 조성물)에서 사용하기 위한 본 발명의 조성물의 투여량은 대체로 0.2-100 g/일 범위일 것이다. 한 실시양태에서, 1일 투여량은 1-10 g/일, 이상적으로는 약 3-8 g/일이다. 한 실시양태에서, 1일 투여량은 10-20 g/일이다. 한 실시양태에서, 1일 투여량은 20-30 g/일이다. 한 실시양태에서, 1일 투여량은 30-40 g/일이다. 한 실시양태에서, 1일 투여량은 10-100 g/일이다. 한 실시양태에서, 1일 투여량은 약 5 g/일, 이상적으로는 약 3-8 g/일이다. 한 실시양태에서, 투여량은 2-1000 mg/일/체중 kg이다. 한 실시양태에서, 투여량은 10-500 mg/일/체중 kg이다. 한 실시양태에서, 투여량은 10-100 mg/일/체중 kg이다. 한 실시양태에서, 투여량은 30-70 mg/일/체중 kg이다. 식품 보충제를 위한 본 발명의 펩티드의 투여량은 일 또는 용량당 0.00001 mg-0.01 mg일 수 있다.

[0184] 식제품은 의사의 지시에 따라 치료받고 있는 개체의 질환, 장애 또는 의학적 병태의 식이 관리용으로 특별히 제형, 가공 및 의도된 식품으로서 정의되는 특수 의약 목적 식품(Food for Specific Medicinal Purposes) (FSMP)일 수 있다. 이러한 식품은 정상적인 식품으로 영양 요구사항이 충족될 수 없는 사람들의 독점적 또는 부분적 급식용으로 의도된다.

[0185] 본 발명은 본 발명의 펩티드를 포함하는 인공 개인 관리 조성물에 또한 관련된다.

[0186] 본 발명은 본 발명의 펩티드의 조성물을 포함하는 인공 개인 관리 조성물에 또한 관련된다.

[0187] 한 실시양태에서, 개인 관리 조성물은 피부 관리 제품이다. 한 실시양태에서, 개인 관리 조성물은 인간의 피부에 국소적으로 적용하기 위해 제형화된 제품이다. 한 실시양태에서, 개인 관리 조성물은 향노화 제품이다. 한 실시양태에서, 개인 관리 조성물은 치약 제품이다. 한 실시양태에서, 개인 관리 조성물은 향료 제품이다. 한 실시양태에서, 개인 관리 조성물은 데오도란트 제품이다. 한 실시양태에서, 개인 관리 조성물은 발한억제제 제품이다. 한 실시양태에서, 개인 관리 조성물은 비누이다. 한 실시양태에서, 개인 관리 조성물은 액체 비누이다. 한 실시양태에서, 개인 관리 조성물은 크림이다. 한 실시양태에서, 개인 관리 조성물은 로션이다. 한 실시양태에서, 개인 관리 조성물은 젤이다. 한 실시양태에서, 개인 관리 조성물은 파우더이다.

[0188] 본 발명은 본 발명의 펩티드를 포함하는 인공 상처 치료 조성물에 또한 관련된다. 본 발명은 본 발명의 조성물을 포함하는 인공 상처 치료 조성물에 또한 관련된다. 전형적으로, 상처 치료 조성물은 상처에 국소적으로 적용하기 위해 제형화된다. 한 실시양태에서, 조성물은 크림, 젤, 로션, 파우더를 포함한다.

[0189] 본 발명은 본 발명의 펩티드를 포함하는 국소 조성물을 또한 제공한다. 국소 조성물이 복수의 펩티드, 단편 및/또는 변이체를 포함할 수 있다는 것이 이해될 것이다. 한 실시양태에서, 국소 조성물은 실질적으로 모든 펩티드를 포함한다. 한 실시양태에서, 국소 조성물은 실질적으로 모든 변이체를 포함한다.

[0190] 본 발명의 국소 조성물은 크림, 다중 에멀전, 무수 조성물, 수성 분산액, 오일, 밀크, 발삼, 폼, 로션, 젤, 크림 젤, 하이드로-알콜 용액, 하이드로-글리콜 용액, 화장품, 개인 관리 제품, 하이드로젤, 도찰제, 세럼, 비누, 더스팅 파우더, 페이스트, 반고체 제형, 도찰제, 세럼, 샴푸, 컨디셔너, 연고, 임의의 행귀내는 제형, 탈크, 무스, 파우더, 스프레이, 에어로졸, 용액, 현탁액, 에멀전, 시럽, 엘릭서제, 다당류 필름, 패치, 젤 패치, 붕대, 점착 시스템, 유중수 에멀전, 수중유 에멀전, 및 실리콘 에멀전을 포함하는 군으로부터 선택된 제형에서 제시될 수 있다.

[0191] 본 발명의 한 실시양태에서, 에멀전은 지질 또는 오일을 함유한다. 에멀전은 수중유, 유중수, 수중유중수 및 실리콘중수중유 에멀전일 수 있지만, 이에 제한되지 않는다. 에멀전은 습윤제를 함유할 수 있다. 에멀전은 소포제, 에컨대 실리콘을 함유할 수 있다. 에멀전은 임의의 적절한 점도를 지닐 수 있다. 에멀전은 유화제 및/또는 소포제를 추가로 함유할 수 있다. 에멀전을 제조하는 방법이 관련 분야의 기술자에게 공지되어 있다.

[0192] 본 발명의 국소 조성물은 투여를 위해 의료 기기 내로 혼입될 수 있다. 이같은 기기는 직물, 패치, 붕대, 거즈, 양말, 타이즈, 속옷, 드레싱, 장갑, 마스크, 점착성 패치, 비-점착성 패치, 폐쇄성 패치 및 미세전기 패치 또는 적절한 점착 시스템을 포함할 수 있지만, 이에 제한되지 않는다. 이같은 실시양태에서, 기기는 케라틴층 에컨대 피부와 직접적으로 접촉되고, 따라서 본 발명의 펩티드를 방출한다. 국소 조성물이 본원에 상술된

바와 같은 임의의 적절한 형태로 혼입될 수 있다는 것이 이해될 것이다. 예를 들어, 본 발명의 국소 조성물 또는 펩티드는 기기 내로 혼입될 수 있거나, 또는 기기의 표면 상에 존재할 수 있거나, 또는 크림, 젤 또는 왁스 제형 또는 임의의 적절한 본원에서 정의된 제형 내에서 기기 내로 혼입되거나 기기의 표면 상에 있을 수 있다.

[0193] 기기는 피부에 접촉 또는 부착시키기 위해 개조될 수 있다.

[0194] 한 실시양태에서, 기기는 일정한 양의 본 발명의 조성물 또는 펩티드를 방출하도록 개조된다. 지속 방출 시스템 내에 함유된 조성물의 양은, 예를 들어, 조성물이 투여될 곳, 본 발명의 조성물의 방출 동역학 및 기간, 뿐만 아니라 치료 및/또는 관리될 병태, 장애 및/또는 질환의 성질에 좌우될 것임이 이해될 것이다. 기기는 조성물이 기기의 생체분해에 의해, 또는 기기와 신체 사이의 마찰에 의해, 신체 수분, 피부의 pH 또는 체온으로 인해 방출되도록 하는 것일 수 있다.

[0195] 본 발명의 한 실시양태에서, 국소 조성물은 적어도 하나의 화장용으로 또는 제약상 허용되는 부형제를 추가로 포함할 수 있다. 부형제는 기능성 성분 또는 첨가물과 상호교환가능하게 사용될 수 있다. 본 발명의 국소 조성물이 단독으로 투여될 수 있지만, 일반적으로는 화장용 또는 제약 부형제와 부가혼합되어 투여될 것임이 이해될 것이다. 화장용으로 또는 제약상 허용되는 부형제는 관련 분야에 널리 공지되어 있고, 국소 투여에 적절하고 과도한 독성, 부적합성 및/또는 알레르기 반응 없이 피부과적으로 허용된다면 임의의 공지된 부형제를 사용할 수 있다.

[0196] 바람직하게는, 포함되는 임의의 부형제는 미량으로 존재한다. 포함되는 부형제의 양은 사용된 부형제의 유형, 부형제의 성질, 국소 조성물의 성분(들), 국소 조성물 내의 활성제 또는 펩티드의 양 및/또는 국소 조성물의 의도되는 용도를 포함하는 다수의 요인에 좌우될 것이다. 임의의 부형제의 성질 및 양은 본 발명의 펩티드의 이점을 허용불가능하게 변경시키지 않아야 한다.

[0197] 본 발명의 한 실시양태에서, 부형제는 적절한 희석제, 담체, 결합제, 윤활제, 현탁제, 코팅제, 방부제, 안정화제, 염료, 비히클, 가용화제, 기제, 연화제, 유화제, 향료, 습윤제, 및/또는 계면활성제일 수 있다.

[0198] 적절한 희석제의 예는 US2014120131 또는 US2004132667에 개시된 임의의 희석제를 포함하지만, 이에 제한되지 않는다. 예는 에탄올, 글리세롤 및 물을 포함한다.

[0199] 적절한 담체의 예는 락토스, 전분, 글루코스, 메틸 셀룰로스, 스테아르산마그네슘, 만니톨, 소르비톨 및 US2014120131 또는 US2004132667에 개시된 임의의 적절한 담체를 포함하지만, 이에 제한되지 않는다.

[0200] 적절한 결합제의 예는 전분, 젤라틴, 천연 당 예컨대 글루코스, 무수 락토스, 자유-유동 락토스, 베타-락토스, 옥수수 감미료, 천연 및 합성 고무, 예컨대 아카시아, 트래거캔스 또는 알긴산나트륨, 카르복시메틸 셀룰로스 및 폴리에틸렌 글리콜 및 US2014120131 또는 US2004132667에 개시된 임의의 적절한 결합제를 포함하지만, 이에 제한되지 않는다.

[0201] 적절한 윤활제의 예는 올레산나트륨, 스테아르산나트륨, 스테아르산마그네슘, 벤조산나트륨, 아세트산나트륨 및 염화나트륨 및 US2014120131 또는 US2004132667에 개시된 임의의 적절한 윤활제를 포함하지만, 이에 제한되지 않는다.

[0202] 담체는 관련 분야에 공지되어 있거나 또는 US2014120131 또는 US2004132667에 개시된 임의의 적절한 담체일 수 있다. 일부 실시양태에서, 담체는 액체, 예컨대 물, 오일 또는 계면활성제 (석유, 동물, 식물 또는 합성 기원의 것을 포함함), 중합체, 오일, 예컨대 땅콩유, 미네랄 오일, 피마자유, 대두유, 알콜, 폴리소르베이트, 소르비탄 에스테르, 에테르 술페이트, 술페이트, 베타인, 글리코시드, 말토시드, 지방 알콜, 노녹시놀, 폴록사머, 폴리옥시에틸렌, 폴리에틸렌 글리콜, 텍스트로스, 글리세롤, 또는 디기토닌을 포함할 수 있지만, 이에 제한되지 않는다. 담체가 피부과적으로 허용가능할 것임이 이해될 것이다. 바람직한 담체는 에멀전 예컨대 수중유, 유중수, 수중유중수 및 실리콘중수중유 에멀전을 함유한다. 에멀전은 유화제 및/또는 소포제를 추가로 함유할 수 있다.

[0203] 본 발명의 한 실시양태에서, 국소 조성물은 하나 이상의 추가적인 성분을 추가로 포함할 수 있다. 본 발명의 국소 조성물은 하나 이상의 다른 추가적인 작용제와 연속적으로, 동시에 또는 순차적으로 투여될 수 있다. 이 같은 추가적인 성분은 국소 조성물 내에 포함되는 것이 이로운 것 또는 국소 조성물의 의도되는 용도에 따라 이로울 것일 수 있다. 추가적인 성분은 활성 또는 기능성 또는 둘 다일 수 있다.

[0204] 이같은 추가적인 성분의 예는 세정제, 컨디셔닝제, 일광차단제, 안료, 보습제, 증점제, 젤화제, 에센셜 오일, 아스트린젠트, 안료, 케이크 형성 방지제, 소포제, 결합제, 첨가제, 완충제, 킬레이팅제, 외용 진통제, 필름 형

성제 또는 물질, 벌크화제, 중합제, 불투명화제, pH 조정제, 추진제, 환원제, 격리제, 피부 표백 및 미백 작용제, 피부 컨디셔닝제, 알로에 베라, 치유제, 진정제, 평활제, 판토텐산, 트리트먼트제, 증점제, 비타민, 착색제, 약제, 소독제, 소포제, 완충제, 아스트린젠트, 중합제, pH 조정제, 테오도란트 또는 임의의 다른 피부 과적으로 허용되는 담체 또는 계면활성제 중 하나 이상을 포함하지만, 이에 제한되지 않는다.

- [0205] 열거된 추가적인 성분들이 1가지를 초과하는 이점을 제공할 수 있다는 것을 이해하여야 한다. 본원에서 제공된 분류는 단지 명확성 및 편의를 위한 것이고, 추가적인 성분을 그러한 열거된 특정 용도 또는 카테고리에 제한하도록 의도되지 않는다.
- [0206] 임의의 추가적인 성분은 과도한 독성, 부적합성 및/또는 알레르기 반응 없이 피부에 적용하는데 적절하여야 한다.
- [0207] 일부 실시양태에서, 추가적인 성분은 글루코스 운반 활성을 갖거나 또는 글루코스 운반 활성을 보조한다. 일부 실시양태에서, 추가적인 성분은 항염증 활성을 갖거나 또는 항염증 활성을 보조한다. 일부 실시양태에서, 추가적인 성분은 항노화 활성을 갖거나 또는 항노화 활성을 보조한다. 일부 실시양태에서, 추가적인 성분은 케라틴 층 건강 및/또는 발달, 피부 건강 및/또는 발달, 및/또는 근육 건강, 회복 및/또는 발달을 위한 것이다. 활성 작용제는 약리학적 강화제일 수 있다. 이같은 활성 작용제는 공지되어 있고, 시판된다. 이같은 경우에, 본 발명의 국소 조성물은 하나 이상의 다른 활성 작용제와 연속적으로, 동시에 또는 순차적으로 투여될 수 있다.
- [0208] 일부 실시양태에서, 추가적인 성분은 파르네솔 ([2E, 6E], -3, 7, 11, -트리메틸-2, 6, 10, 도데카트리엔-1-올), 피탄트리올 (3, 7, 11, 15, 테트라메틸헥사데칸-1, 2, 3, -트리올), 박리 활성제, 효소, 효소 억제제, 효소 활성화제, 식물 추출물 및 해양 추출물, 항-여드름 활성제, 항-주름 또는 항-위축 활성제, 항산화/라디칼 스캐빈저, 킬레이터, 플라보노이드, 항염증제, 항-셀룰라이트 작용제, 국소 마취제, 태닝 활성제, 피부 미백제, 피부 치유제, 비사볼롤, 항균 또는 항진균 활성제, 일광차단 활성제, 입상 물질, 컨디셔닝제, 구조화제, 증점제일 수 있다.
- [0209] 박리 활성제는 피부 외관 또는 피부 질감을 강화하는 임의의 적절한 작용제일 수 있고, US2014120131 또는 US2004132667에 개시된 바와 같다.
- [0210] 항-여드름 활성제의 예는 US2014120131 또는 US2004132667에 개시된 바와 같고, 레소르시놀, 살리실산, 에리트로마이신, 아연, 황, 벤조일 퍼옥시드를 포함한다.
- [0211] 증점제의 예는 US2014120131 또는 US2004132667에 개시된 바와 같고, 카르복실산 중합체, 가교 폴리아크릴레이트 중합체, 폴리아크릴아미드 중합체, 다당류를 포함한다.
- [0212] 컨디셔닝제의 예는 US2014120131 또는 US2004132667에 개시된 바와 같고, 습윤제, 보습제 또는 피부 컨디셔너를 포함한다.
- [0213] 구조화제의 예는 US2014120131 또는 US2004132667에 개시된 바와 같고, 조성물에 유동학적 특성을 제공하고 조성물의 안정성에 기여하는 임의의 작용제를 포함한다.
- [0214] 임의의 적절한 항균 또는 항진균 활성제를 사용할 수 있고, 예는 US2014120131 또는 US2004132667에 개시된 바와 같다. 이같은 활성제는 미생물을 파괴할 수 있거나, 미생물의 성장 또는 작용을 방지할 수 있다. 예는 β -락탐 약물, 퀴놀론 약물, 테트라사이클린, 에리트로마이신, 스트렙토마이신 술페이트, 살리실산, 벤조일 퍼옥시드를 포함하지만, 이에 제한되지 않는다.
- [0215] 입상 물질의 예는 금속 산화물을 포함한다. 항-셀룰라이트 작용제의 예는 크산틴 작용제를 포함한다. 태닝 활성제의 예는 1,3-디히드록시-2-프로판 및 US2014120131 또는 US2004132667에 개시된 것들을 포함한다. 국소 마취제의 예는 벤조카인, 리도카인 및 부피바카인 및 US2014120131 또는 US2004132667에 개시된 것들을 포함한다.
- [0216] 피부 미백제의 예는 관련 분야에 공지된 임의의 작용제 예컨대 코지산, 아스코르브산 및 US2014120131 또는 US2004132667에 개시된 것들을 포함한다.
- [0217] 일광차단 활성제의 예는 임의의 적절한 유기 또는 무기 일광차단 활성제를 포함한다. 예는 금속 산화물, 2-에틸헥실-p-메톡시신나메이트 및 US2014120131 또는 US2004132667에 개시된 것들을 포함한다.
- [0218] 피부 치유제의 예는 US2014120131 또는 US2004132667에 개시된 바와 같은 판테노산을 포함한다.

- [0219] 항염증제의 예는 피부 외관, 색조 또는 색상을 강화하는 임의의 작용제를 포함하고, 코르티코스테로이드, 히드로코르티손, 비-스테로이드성 작용제 예컨대 이부프로펜 및 아스피린 및 US2014120131 또는 US2004132667에 개시된 것들을 포함하지만, 이에 제한되지 않는다.
- [0220] 플라비노이드의 예는 플라바논, 메톡시 플라보논, 비치환 갈론 및 이들의 혼합물 및 US2014120131 또는 US2004132667에 개시된 것들을 포함한다.
- [0221] 효소의 예는 리파제, 프로테아제, 카탈라제, 수퍼옥시드-디스뮤타제, 아밀라제, 펴옥시다제, 글루쿠로니다제, 세라미다제, 히알루로니다제를 포함한다. 효소 억제제의 예는 트립신 억제제, 보우만 버크(Bowmann Birk) 억제제, 키모트립신 억제제, 식물 추출물, 플라보노이드, 퀴르세틴 갈론 및 US2014120131 또는 US2004132667에 개시된 것들 및 이들의 혼합물을 포함한다. 효소 활성화제의 예는 코엔자임 A, Q10 (유비퀴논), 글리시리진, 베르베린, 크리신 및 US2014120131 또는 US2004132667에 개시된 것들 및 이들의 혼합물을 포함한다.
- [0222] 항-주름 또는 항-위축 활성제의 예는 황을 함유하는 D 및 L 아미노산, 특히 N-아실 유도체 예컨대 N-아세틸-L-시스테인, 히드록실산, 피트산, 리포산, 리소포스파티드산, 피부 박리제, 비타민 B₃, 레티노이드 및 US2014120131 또는 US2004132667에 개시된 것들 및 이들의 혼합물을 포함한다.
- [0223] 항산화/라디칼 스캐빈저 작용제는 피부 손상을 야기할 수 있는 UV 조사 또는 다른 환경 요인에 대한 보호를 제공하는데 유용한 임의의 작용제 예컨대 US2014120131 또는 US2004132667에 개시된 것들일 수 있다. 항산화/라디칼 스캐빈저의 예는 아스코르브산, 그의 염 및 유도체 (비타민 C), 토코페롤, 그의 염 및 유도체 (비타민 E), 부틸화 히드록실 벤조산 및 그의 염, 펴옥시드, 갈산 및 알킬 에스테르, 소르브산, 리포산, 아민, 리신 피돌레이트, 아르기닌 필로레이트, 노르디히드로구아아아레트산, 바이오플라보노이드, 커큐민, 라이신, 메티오닌, 프롤린, 수퍼옥시드 디스뮤타제, 실리마린, 차 추출물 및 이들의 혼합물을 포함한다.
- [0224] 킬레이터의 예는 EDTA, NTA, 히드록삼산, 피트산, 락토페린 및 US2014120131 또는 US2004132667에 개시된 것들 및 이들의 혼합물을 포함한다. 킬레이터는 금속 이온이 화학 반응에 참여하거나 화학 반응을 촉매할 수 없도록 착물을 형성함으로써 금속 이온을 제거할 수 있는 작용제를 의미한다. 킬레이터는 피부 손상을 야기할 수 있는 UV 조사 또는 다른 환경 요인에 대한 보호에 유용하다.
- [0225] 복수의 추가적인 성분이 첨가될 수 있다는 것이 이해될 것이다. 추가적인 성분의 양은 조성물 중량의 약 0.001% 내지 약 50%, 바람직하게는 조성물 중량의 약 0.01% 내지 약 20%, 바람직하게는 약 0.1% 내지 약 10%, 약 0.5% 내지 약 10%, 약 1% 내지 약 5%, 바람직하게는 2%일 수 있다. 포함된 추가적인 성분의 양은 사용된 추가적인 성분의 유형, 추가적인 성분의 성질, 국소 조성물의 성분(들), 국소 조성물 내의 활성제 또는 펩티드의 양 및/또는 국소 조성물의 의도되는 용도를 포함하는 다수의 요인에 좌우될 것이다. 추가적인 성분의 성질 및 양은 본 발명의 펩티드의 이점을 허용불가능하게 변경시키지 않아야 한다.
- [0226] 국소 조성물은 무알콜일 수 있다.
- [0227] 본 발명의 일부 실시양태에서, 조성물은 본 발명의 펩티드 (일명 조성물의 활성제)에 더하여 하나 이상의 추가적인 활성 작용제를 추가로 포함한다. 추가적으로 또는 대안적으로, 조성물은 하나 이상의 다른 추가적인 활성 작용제와 함께 투여될 수 있다. 전형적인 상기의 추가적인 활성 작용제는 미량으로만 존재한다. 일부 실시양태에서, 추가적인 활성 작용제가 조성물 내에 존재하지 않을 수 있다. 포함된 추가적인 활성 작용제의 양은 사용된 추가적인 활성 작용제의 유형, 추가적인 활성 작용제의 성질, 국소 조성물의 성분(들), 국소 조성물 내의 활성제 또는 펩티드의 양 및/또는 국소 조성물의 의도되는 용도를 포함하는 다수의 요인에 좌우될 것이다. 임의의 추가적인 활성 작용제의 성질 및 양은 본 발명의 펩티드의 이점을 허용불가능하게 변경시키지 않아야 한다.
- [0228] 한 제품 내에서 "활성" 성분인 것으로 고려되는 성분이 또 다른 제품에서는 "기능성" 또는 "부형제" 성분일 수 있고 그 반대일 수도 있다는 것을 이해하여야 한다. 일부 성분이 활성 성분 및 기능성 또는 부형제 성분 둘 다로서 이중 역할을 수행할 수 있다는 것이 또한 이해될 것이다.
- [0229] 추가적인 활성 작용제의 예는 글루코스 운반 촉진 약물, 피부 보충제, 피부 트리트먼트 및/또는 관리용 작용제, 항염증제, 항노화제, 세포 성장 촉진제 및 약리학적 강화제를 포함한다. 이같은 작용제들은 관련 분야에 널리 공지되어 있고, 임의의 적절한 추가적인 활성 작용제를 사용할 수 있다는 것이 이해될 것이다. 피부 트리트먼트 및/또는 관리를 위한 추가적인 활성 작용제는 콜라겐 합성 작용제, 레티노이드, 박리제, 항-셀룰라이트 작용제, 엘라스타제 억제제, 멜라닌 합성 자극 또는 억제 작용제, 셀프-태닝 작용제, 항노화제, 항균제, 항진균제,

정진균제, 살균제, 및 치유제를 포함할 수 있다. 활성 작용제는 또한 항염증제를 포함할 수 있다.

- [0230] 임의의 추가적인 활성 작용제는 과도한 독성, 부적합성 및/또는 알레르기 반응 없이 피부에 적용하는데 적절하여야 한다.
- [0231] 본원에서 제공된 분류는 단지 명확성 및 편리를 위한 것이고, 추가적인 성분, 부형제 또는 활성제를 그러한 열거된 특정 용도 또는 카테고리에 제한하도록 의도되지 않는다는 것이 이해될 것이다.
- [0232] 특히 바람직한 실시양태에서, 본 발명의 방법 및 용도는 본 발명의 펩티드 또는 조성물을 하나 이상의 다른 활성 작용제, 예를 들어, 시판되는 기존의 성장 촉진 약물 또는 약리학적 강화제와 조합하여 투여하는 것을 수반한다. 이같은 경우에, 본 발명의 화합물은 하나 이상의 다른 활성 작용제와 연속적으로, 동시에 또는 순차적으로 투여될 수 있다.
- [0233] 본 발명의 효과는 본원에 기술된 본 발명의 국소 조성물을 트리트먼트 또는 관리를 필요로 하는 사람, 동물 또는 환자에게 국소적으로 적용 또는 투여하는 것에 의해 달성된다. 국소 전달은 바람직하게는 케라틴 층 예컨대 피부, 모발 및/또는 손발톱에 전달하는 것을 의미하지만, 상피 세포가 내벽을 이루는 체강, 예를 들어 폐 또는 기도, 위장관, 구강에 전달하는 것을 또한 의미할 수 있다. 효과는 피부 표면에 국한될 수 있거나 또는 피부 내부일 수 있거나 또는 둘 다의 조합일 수 있다.
- [0234] 본 발명의 국소 조성물은 화장용 또는 제약상 유효량으로 투여된다. 달리 말하면, 독성이지 않은 양이지만, 원하는 효과를 제공하도록 충분한 양으로 투여된다. 관련 분야의 기술자가 과도한 실험 없이 투여할 본 발명의 국소 조성물의 적합한 용량을 결정할 수 있을 것임이 이해될 것이다. 대안적으로, 의사가 환자에게 가장 적절한 실제 용량을 치료 또는 관리될 특정 병태, 질환 또는 장애, 및 이러한 사람의 연령, 체중 및/또는 건강에 따라 결정할 것이다. 이는 사용된 특정 화합물의 활성, 이러한 화합물의 대사 안정성 및 작용 기간, 연령, 체중, 일반적인 건강, 성별, 식이, 투여 방식 및 시간, 배출 속도, 약물 조합, 특정 병태의 중증도, 및 개별적인 진행 중인 요법을 포함하는 다양한 요인에 좌우될 것이다. 물론, 더 높거나 더 낮은 투여량 범위가 가치가 있는 개별적인 경우가 있을 수 있고, 이같은 경우는 본 발명의 범주 내이다. 예를 들어, 조성물은 0.01 내지 50 mg/체중 kg, 예컨대 0.1 내지 30 mg/kg, 더욱 바람직하게는 0.1 내지 20 mg/체중 kg, 더욱 바람직하게는 0.1 내지 10 mg/체중 kg, 바람직하게는 0.1 내지 5 mg/체중 kg의 용량으로 투여될 수 있다. 예시적인 실시양태에서, 1회 이상의 10 내지 300 mg/일 또는 더욱 바람직하게는 10 내지 150 mg/일의 용량이 환자에게 투여될 것이다. 양 및 빈도는 목적에 가장 잘 맞는 바와 같다. 적용 또는 투여 빈도는 각각의 대상체의 요구에 크게 달라질 수 있고, 1개월에 1회 내지 1일에 10회, 바람직하게는 1주에 1회 내지 1일에 4회, 더욱 바람직하게는 1주에 3회 내지 1일에 3회, 더욱 더 바람직하게는 1일에 1회 또는 2회의 적용 또는 투여 범위가 권장된다. 바람직한 실시양태에서, 국소 조성물의 반복 사용이 제공된다.
- [0235] 국소 조성물은 트리트먼트 또는 관리될 케라틴 조직, 피부 또는 신체 영역 내로 마사지하기, 또는 문지르기에 의해 적용될 수 있지만, 이에 제한되지 않는다. 일부 실시양태에서, 조성물은 신체 영역 상에 남아 있거나 또는 이로부터 제거되지 않는다. 다른 실시양태에서, 조성물은 예컨대 약 2분 내지 60분, 약 5분 내지 약 30분, 바람직하게는 약 10분 내지 약 20분이지만 이에 제한되지 않는 일정 시간 후에 제거된다. 적용 직후에 조성물이 제거될 수 있다. 본 발명의 일부 실시양태에서, 본 발명의 조성물은 예컨대 이온이동, 초음파이동, 전기천공, 미세전기 패치, 기계적 압력, 삼투압 구배, 폐쇄성 경화, 미세주입 또는 압력에 의한 무침 주사, 예컨대 산소 압력에 의한 주사, 또는 이들의 임의의 조합이지만 이에 제한되지 않는, 본 발명의 조성물 및/또는 펩티드의 더 큰 투과를 달성하는 수단에 의해 트리트먼트될 영역에 적용될 수 있다.
- [0236] 본 발명의 펩티드는 원하는 효과를 달성하기 위한 화장용 또는 제약상 유효 농도로 본 발명의 국소용 화장 또는 제약 조성물에서 사용된다; 조성물의 총 중량과 관련하여 바람직한 형태에서, 0.00000001% (중량) 내지 20% (중량); 바람직하게는 0.000001% (중량) 내지 15% (중량), 더욱 바람직하게는 0.0001% (중량) 내지 10% (중량), 더욱 더 바람직하게는 0.0001% (중량) 내지 5% (중량).
- [0237] 본 발명의 일부 실시양태에서, 조성물은 리포솜, 혼합 리포솜, 올레오솜, 니오솜, 에토솜, 밀리캡슐, 캡슐, 마이크로캡슐, 나노캡슐, 나노구조화 액체 담체, 스폰지, 시클로덱스트린, 소포, 미셀, 계면활성제의 혼합 미셀, 계면활성제-인지질 혼합 미셀, 밀리구체, 구체, 지질구체, 입자, 나노구체, 나노입자, 밀리입자, 고체 나노입자, 뿐만 아니라 역 미셀의 내부 구조가 있는 유중수 마이크로에멀전을 포함하는 마이크로에멀전 및 나노에멀전 미세구체, 마이크로입자 중 임의의 하나를 통해 전달될 수 있다.
- [0238] 다양한 방법이 리포솜 제조에 이용가능하다. 예를 들어, 문헌 [Szoka et al., Ann. Rev. Biophys. Bioeng.

9:467 (1980)], 미국 특허 번호 4,186,183, 4,217,344, 4,235,871, 4,261,975, 4,485,054, 4,501,728, 4,774,085, 4,837,028, 4,235,871, 4,261,975, 4,485,054, 4,501,728, 4,774,085, 4,837,028, 4,946,787, PCT 공개 번호 WO 91/17424, [Deamer & Bangham, Biochim. Biophys. Acta 443:629-634 (1976)]; [Fraley, et al., PNAS 76:3348-3352 (1979)]; [Hope et al., Biochim. Biophys. Acta 812:55-65 (1985)]; [Mayer et al., Biochim. Biophys. Acta 858:161-168 (1986)]; [Williams et al., PNAS 85:242-246 (1988)]; [Liposomes (Ostro (ed.), 1983, Chapter 1)]; [Hope et al., Chem. Phys. Lip. 40:89 (1986)]; [Gregoriadis, Liposome Technology (1984)] 및 [Lasic, Liposomes: from Physics to Applications (1993)]을 참조한다. 적절한 방법은, 예를 들어, 초음파처리, 압출, 고압/균질화, 미세유동화, 세제 투석, 소형 리포솜 소포의 칼슘-유도 융합 및 에테르 융합 방법을 포함하고, 이들 모두는 관련 분야에 널리 공지되어 있다.

[0239] 본 발명의 화합물 및/또는 펩티드의 더 큰 투과를 달성하도록 이러한 전달 시스템들을 개조할 수 있다. 이는 약동학 및 약역학 성질을 개선할 수 있다. 전달 시스템은 본 발명의 화합물 또는 펩티드가 일정 기간 동안, 바람직하게는 일정 기간에 걸쳐 일정한 방출 속도로 점진적으로 방출되는 지속 방출 시스템일 수 있다. 전달 시스템은 관련 분야에 공지된 방법에 의해 제조된다. 지속 방출 시스템 내에 함유된 펩티드의 양은 조성물이 전달될 곳 및 방출 기간, 뿐만 아니라 치료 또는 관리될 병태, 질환 및/또는 장애의 유형에 좌우될 것이다.

[0240] 본 발명의 국소 조성물은 인간 및 수의학 의약에서의 인간 또는 동물 사용을 위한 것일 수 있다.

[0241] 본 발명의 국소 조성물은 제약, 개인 관리 및/또는 화장 용도에 사용될 수 있다.

[0242] 조성물은 건선, 피부염, 알레르기 피부염, 습진, 해면화, 부종, 피부암, 궤양, 여드름, 흉터, 연조직염, 탄력섬 유증, 각화증, 장미증, 정맥류성 정맥, 염증성 장애를 포함하지만 이에 제한되지 않는, 임의의 피부 질환, 장애 또는 병태를 치료 또는 관리하는데 사용될 수 있다.

[0243] 국소 조성물은 주름, 늘어난 자국 및 다크 서클, 건조함, 잔주름, 노화 반점, 붉은 얼룩, 처진 피부, 및 일광 화상을 포함하는 일광 노출, 스트레스, 오염 및/식이에 의해 야기되는 병태를 포함하지만 이에 제한되지 않는, 가시적인 노화 징후를 트리트먼트 또는 관리하는데 사용될 수 있다. 국소 조성물은 피부 또는 노화 개시를 지연시키거나, 늦추거나 또는 억제하는데 또한 사용될 수 있다. 조성물은 의료 기기, 예컨대 본원에 기술된 바와 같은 플라스터 또는 패치에 의해 투여될 수 있다.

[0244] 국소 조성물은 포유동물에서 상처를 치료 또는 관리하는데 사용될 수 있다. 또 다른 실시양태에서, 국소 조성물은 손상된 상피 세포 또는 조직, 및/또는 손상된 진피 또는 상피 세포 또는 조직을 특징으로 하는 질환 또는 병태의 치료 또는 예방에서 사용하기 위한 것이다. 이러한 질환은 암 및 외상일 수 있지만, 이에 제한되지 않는다.

[0245] 국소 조성물은 임의의 근육 병태를 치료 또는 관리하는데, 포유동물에서 근육 상태를 개선하는데, 전형적으로 운동 후에 근육 회복을 촉진하는데, 포유동물에서 근육 건강 (예를 들어, 체지방 조직 질량)을 유지 또는 복구 시키는데, 신체 성능을 강화하는데, 무기력 또는 낮은 에너지 수준을 특징으로 하는 질환 또는 병태의 치료 또는 예방에서 사용될 수 있다.

[0246] 국소 조성물은 조직 성장을 촉진하는데, 상피 조직의 성장을 촉진하는데, 피부 성장을 촉진하는데, 기관 성장을 촉진하는데, 생물 성장을 촉진하는데 사용될 수 있다. 피부는 정상적인 병리상태 및/또는 비정상적인 병리상태를 지닐 수 있다.

[0247] 국소 조성물은 임의의 염증성 장애를 치료 또는 관리하는데 또한 사용될 수 있다.

[0248] 본 발명의 추가적인 측면은 하나 이상의 제약상 허용되는 희석제, 부형제 또는 담체와 부가혼합된 본 발명의 펩티드 또는 본 발명의 펩티드의 조성물을 포함하는 제약 조성물에 관한 것이다. 본 발명의 펩티드 및 조성물은 단독으로 투여될 수 있지만, 특히 인간 요법을 위해, 일반적으로는 제약 담체, 부형제 또는 희석제와 부가혼합되어 투여될 것이다. 제약 조성물은 인간 및 수의학 의약에서의 인간 또는 동물 사용을 위한 것일 수 있다. 다양한 상이한 형태의 본원에 기술된 제약 조성물을 위한 이같은 적절한 부형제의 예를 문헌 ["Handbook of Pharmaceutical Excipients, 2nd Edition, (1994), A Wade and PJ Weller]에서 확인할 수 있다. 특히, 국소 전달을 위한 제형이 문헌 [Topical drug delivery formulations, David Osborne and Antonio Aman, Taylor & Francis]에 기술되어 있고, 그의 전체 내용은 본원에 참조로 포함된다. 치료 용도를 위한 허용가능한 담체 또는 부형제가 제약 분야에 널리 공지되어 있고, 예를 들어, 문헌 [Remington's Pharmaceutical Sciences, Mack Publishing Co.(A. R. Gennaro edit. 1985)]에 기술되어 있다. 적절한 담체의 예는 락토스, 전분, 글루코스, 메틸 셀룰로스, 스테아르산마그네슘, 만니톨, 소르비톨 등을 포함한다. 적절한 희석제의 예는 에탄올, 글리세

를 및 물을 포함한다. 제약 담체, 부형제 또는 희석제의 선택은 의도되는 투여 경로 및 표준 제약 관행과 관련하여 선택될 수 있다. 제약 조성물은 담체, 부형제 또는 희석제로서, 또는 담체, 부형제 또는 희석제에 더하여, 임의의 적절한 결합제(들), 윤활제(들), 현탁제(들), 코팅제(들), 가용화제(들)를 포함할 수 있다. 적절한 결합제의 예는 전분, 젤라틴, 천연 당 예컨대 글루코스, 무수 락토스, 자유-유동 락토스, 베타-락토스, 옥수수 감미료, 천연 및 합성 고무, 예컨대 아카시아, 트래거캔스 또는 알긴산나트륨, 카르복시메틸 셀룰로스 및 폴리에틸렌 글리콜을 포함한다. 적절한 윤활제의 예는 올레산나트륨, 스테아르산나트륨, 스테아르산마그네슘, 벤조산나트륨, 아세트산나트륨, 염화나트륨 등을 포함한다. 방부제, 안정화제, 염료 및 심지어 풍미제가 제약 조성물 내에 제공될 수 있다. 방부제의 예는 벤조산나트륨, 소르브산 및 p-히드록시벤조산의 에스테르를 포함한다. 항산화제 및 현탁제가 또한 사용될 수 있다.

[0249] 본 발명의 펩티드 또는 조성물은 국소, 경구, 직장, 비경구, 근육내, 복막내, 동맥내, 기관지내, 피하, 피부내, 정맥내, 비강, 질, 볼 또는 설하 투여 경로용으로 개조될 수 있다. 경구 투여의 경우, 압축 정제, 알약, 정제, 겔룰, 점적제, 및 캡슐이 특히 사용된다. 바람직하게는, 이러한 조성물은 용량당 1 내지 250 mg, 더욱 바람직하게는 10-100 mg의 활성 성분을 함유한다. 다른 투여 형태는 정맥 내로, 동맥 내로, 피하로, 피부 내로, 복막 내로 또는 근육 내로 주사될 수 있고 살균 또는 살균가능 용액으로부터 제조되는 용액 또는 에멀전을 포함한다. 본 발명의 제약 조성물은 좌약, 질내 고리, 폐서리, 현탁액, 에멀전, 로션, 연고, 크림, 겔, 스프레이, 용액 또는 더스팅 파우더의 형태일 수도 있다. 본 발명의 조성물은 국소 전달용으로 제형화될 수 있다. 국소 전달은 일반적으로 피부에 전달하는 것을 의미하지만, 상피 세포가 내벽을 이루는 체강, 예를 들어 폐 또는 기도, 위장관, 구강에 전달하는 것을 또한 의미할 수 있다. 특히, 국소 전달을 위한 제형이 문헌 [Topical drug delivery formulations, David Osborne and Antonio Aman, Taylor & Francis]에 기술되어 있고, 그의 전체 내용은 본원에 참조로 포함된다. 기도에 전달하기 위한 조성물 또는 제형이 문헌 [O' Riordan et al. (Respir Care, 2002, Nov. 47)], EP2050437, WO2005023290, US2010098660, 및 US20070053845에 기술되어 있다. 회장, 특히 근위부 회장에 활성 작용제를 전달하기 위한 조성물 및 제형은 산 저항성이지만 회장의 더욱 알칼리성인 환경에서는 용해되기 쉬운 중합체 또는 낙농 제품 단백질로 형성된 보호 매트릭스 내에 활성 작용제가 캡슐화된 마이크로캡슐 및 마이크로입자를 포함한다. 이같은 전달 시스템의 예가 EP1072600.2 및 EP13171757.1에 기술되어 있다. 대안적인 경피 투여 수단은 피부 패치의 사용에 의한 것이다. 예를 들어, 활성 성분이 액체 파라핀 또는 폴리에틸렌 글리콜의 수성 에멀전으로 이루어진 크림 내로 혼입될 수 있다. 또한 활성 성분은 백랍 또는 백색 연질 파라핀 기체와 필요할 수 있는 바와 같은 안정화제 및 방부제로 이루어지는 연고 내로 1 내지 10 중량%의 농도로 혼입될 수 있다.

[0250] 주사가능한 형태는 용량당 10-1000 mg, 바람직하게는 10-250 mg의 활성 성분을 함유할 수 있다.

[0251] 조성물은 단위 투여 형태로, 즉 단위 용량, 또는 다중 단위 용량 또는 단위 용량의 하위 단위를 함유하는 불연속 분량들의 형태로 제형화될 수 있다.

[0252] 관련 분야의 통상의 기술자는 과도한 실험 없이 대상체에게 투여할 본 발명의 조성물 중 하나의 적합한 용량을 쉽게 결정할 수 있다. 전형적으로, 의사가 개별적인 환자에게 가장 적절한 실제 용량을 결정할 것이고, 이는 사용된 특정 화합물의 활성, 이러한 화합물의 대사 안정성 및 작용 기간, 연령, 체중, 일반적인 건강, 성별, 식이, 투여 방식 및 시간, 배출 속도, 약물 조합, 특정 병태의 중증도, 및 개별적인 진행 중인 요법을 포함하는 다양한 요인에 좌우될 것이다. 본원에 개시된 투여량은 평균 사례의 예이다. 물론, 더 높거나 더 낮은 투여량 범위가 가치가 있는 개별적인 경우가 있을 수 있고, 이같은 경우는 본 발명의 범주 내이다. 필요에 따라, 작용제는 0.01 내지 30 mg/체중 kg, 예컨대 0.1 내지 10 mg/kg, 더욱 바람직하게는 0.1 내지 1 mg/체중 kg의 용량으로 투여될 수 있다. 예시적인 실시양태에서, 1회 이상의 10 내지 300 mg/일 또는 더욱 바람직하게는 10 내지 150 mg/일의 용량이 염증성 장애의 치료를 위해 환자에게 투여될 것이다.

[0253] 특히 바람직한 실시양태에서, 본 발명의 방법 및 용도는 본 발명의 펩티드 또는 조성물을 하나 이상의 다른 활성 작용제, 예를 들어, 시판되는 기존의 항염증 약물 또는 약리학적 강화제와 조합하여 투여하는 것을 수반한다. 이같은 경우에, 본 발명의 화합물은 하나 이상의 다른 활성 작용제와 연속적으로, 동시에 또는 순차적으로 투여될 수 있다.

[0254] 본 발명의 한 실시양태에서, 본 발명의 펩티드는 이러한 펩티드를 포함하는 접합체의 형태로 투여될 수 있고, 링커, 및 파트너 분자, 예를 들어, 생체 내에서 접합체의 반감기를 증가시키도록 의도되는 항체 분자와 같은 단백질질을 임의적으로 포함할 수 있다. 한 실시양태에서, 펩티드는 하나 이상의 아미노산을 파트너 분자를 부착시키는 데 사용되는 아미노산으로 치환하도록 변형될 수 있다. 예를 들어, 파트너 분자 예컨대 PEG 분자를 접합시

키기 위한 목적으로 아미노산이 리신 잔기로 치환될 수 있다.

- [0255] 정의
- [0256] 본원에서 언급된 모든 간행물, 특허, 특허 출원 및 다른 참고문헌은 각각의 개별적인 간행물, 특허 또는 특허 출원이 참조로 포함되고 이들의 내용이 전체적으로 인용되는 것으로 구체적 및 개별적으로 지시된 것과 같이 모든 목적을 위해 이에 의해 전문이 참조로 포함된다.
- [0257] 본원에서 사용된 경우에 구체적으로 달리 지시되지 않는 한, 하기의 용어들은 이러한 용어가 기술 분야에서 누릴 수 있는 임의의 더 넓은 (또는 더 좁은) 의미에 더하여 하기의 의미를 갖는 것으로 의도된다:
- [0258] 문맥에 의해 달리 요구되지 않는 한, 단수형이 본원에서 사용되는 것은 복수형을 포함하는 것으로 해석되어야 하고, 반대도 마찬가지이다. 어떤 것과 관련하여 사용된 용어 "하나"는 하나 이상의 이러한 것을 지칭하는 것으로 해석되어야 한다. 따라서, 용어 "하나", "하나 이상", 및 "적어도 하나"는 본원에서 상호교환가능하게 사용된다.
- [0259] 본원에서 사용된 바와 같이, 용어 "포함하다", 또는 그의 변형 예컨대 "포함하는"은 임의의 인용된 전체 (예를 들어 특색, 요소, 특성, 성질, 방법/공정 단계 또는 한계) 또는 전체체들 (예를 들어 특색들, 요소들, 특성들, 성질들, 방법/공정 단계들 또는 한계들)의 군을 포함하지만 임의의 다른 전체 또는 전체체들의 군을 배제하지 않는 것을 지시하는 것으로 해석되어야 한다. 따라서, 본원에서 사용된 바와 같이, 용어 "포함하는"은 포괄적 또는 개방형이고, 추가적인 인용되지 않은 전체 또는 방법/공정 단계를 배제하지 않는다.
- [0260] 본원에서 사용된 바와 같이, 용어 "질환"은 생리학적 기능을 손상시키고 구체적인 증상과 연관되는 임의의 비정상적인 병태를 정의하도록 사용된다. 이러한 용어는 병인의 성질 (또는 실제로 질환에 대한 병인성 근거가 확립되었는지 여부)과 관계없이 생리학적 기능이 손상된 임의의 장애, 질병, 비정상, 병리상태, 병, 병태 또는 증후군을 포괄하도록 광범위하게 사용된다. 따라서 이는 감염, 외상, 손상, 수술, 방사선 절제, 중독 또는 영양 결핍으로부터 발생하는 병태를 포괄한다.
- [0261] 본원에서 사용된 바와 같이, 용어 "치료" 또는 "치료하는"은 질환의 증상을 치유하거나, 완화하거나 또는 경감시키거나 또는 그의 원인(들)을 제거하는 (또는 그의 원인의 영향을 경감시키는) (예를 들어, 병리학적 수준의 리소좀 효소의 축적을 감소시키는) 개입 (예를 들어, 작용제를 대상체에게 투여하는 것)을 지칭한다. 이러한 경우에, 이 용어는 용어 "요법"과 동의적으로 사용된다.
- [0262] 추가적으로, 용어 "치료" 또는 "치료하는"은 치료된 집단에서 질환의 개시 또는 진행을 방지하거나 지연시키거나 또는 그의 발생을 감소시키는 (또는 근절하는) 개입 (예를 들어, 작용제를 대상체에게 투여하는 것)을 지칭한다. 이러한 경우에, 치료라는 용어는 용어 "예방"과 동의적으로 사용된다.
- [0263] 본원에서 사용된 바와 같이, 작용제의 유효량 또는 치료적 유효량은 합리적인 이익/위험 비에 부합하는, 과도한 독성, 자극, 알레르기 반응 또는 다른 문제 또는 합병증 없이 대상체에게 투여될 수 있는 양이지만, 원하는 효과, 예를 들어 대상체의 병태에서의 영구적이거나 일시적인 개선에 의해 명시되는 치료 또는 예방을 제공하는데 충분한 것을 정의한다. 이러한 양은 개체의 연령 및 일반적인 상태, 투여 방식 및 다른 요인에 따라 대상체마다 다를 것이다. 따라서, 정확한 유효량을 특정하는 것이 가능하지 않지만, 관련 분야의 기술자는 일상적인 실험 및 배경 지식을 사용하여 임의의 개별적인 경우에서 적합한 "유효량"을 결정할 수 있을 것이다. 이러한 맥락에서의 치료 결과는 증상의 근절 또는 경감, 통증 또는 불편함 감소, 장기 생존, 이동성 개선, 및 임상 개선의 다른 마커를 포함한다. 치료 결과는 완전한 치유일 필요가 없다.
- [0264] 용어 "인간 또는 동물"은 인간 또는 포유동물 또는 포유동물이 아닌 동물 예컨대 어류를 의미하는 것으로 이해되어야 한다.
- [0265] 용어 "조성물"은 인간의 행위로 제조되고 천연에서 발생하지 않는 문제의 조성물을 의미하는 것으로 이해되어야 한다. 예시적인 조성물은 식품 조성물, 음료 조성물, 제약 조성물, 영양 보충제 조성물, 개인 관리 조성물 및 건강관리 조성물을 포함한다.
- [0266] 본원에서 사용된 바와 같은 용어 "펩티드"는 전형적으로 펩티드 결합 연결을 통해 5 내지 50개의 아미노산 단량체로 구성된 중합체를 지칭한다. 본 발명의 펩티드 및 본 발명에서 사용하기 위한 펩티드 (그의 단편 및 변이체 포함)는 완전히 또는 부분적으로 화학적 합성에 의해 또는 핵산으로부터의 발현에 의해 생성될 수 있다. 예를 들어, 본 발명의 펩티드 및 본 발명에서 사용하기 위한 펩티드는 관련 분야에 공지된, 잘 확립되어 있는 표준 액체 또는 바람직하게는 고체-상 펩티드 합성 방법에 따라 쉽게 제조될 수 있다 (예를 들어, 문헌 [J. M.

Stewart and J. D. Young, Solid Phase Peptide Synthesis, 2nd edition, Pierce Chemical Company, Rockford, Illinois (1984)], [M. Bodanzsky and A. Bodanzsky, The Practice of Peptide Synthesis, Springer Verlag, New York (1984)]을 참조한다). 필요한 경우, 본 발명에서 사용된 임의의 펩티드가 그의 안정성을 증가시키도록 화학적으로 변형될 수 있다. 화학적으로 변형된 펩티드 또는 펩티드 유사체는 본 발명의 실행과 관련하여 생체 내 또는 시험관 내에서의 그의 증가된 안정성 및/또는 효능을 특징으로 하는 펩티드의 임의의 기능성 화학적 등가물을 포함한다. 펩티드 유사체라는 용어는 본원에 기술된 바와 같은 펩티드의 임의의 아미노산 유도체를 또한 지칭한다. 펩티드 유사체는 측쇄 변형, 펩티드 합성 동안의 비천연 아미노산 및/또는 그의 유도체의 혼입, 및 가교제 및 펩티드 또는 그의 유사체에 입체형상 제약을 부여하는 다른 방법의 사용을 포함하지만 이에 제한되지 않는 절차에 의해 생산될 수 있다. 측쇄 변형의 예는 아미노 기의 변형, 예컨대 알데히드와의 반응 후 NaBH_4 로 환원되는 것에 의한 환원성 알킬화; 메틸아세트이미데이트로의 아미드화; 아세트산 무수물로의 아세틸화; 시아네이트로의 아미노 기의 카르바미드화; 2, 4, 6, 트리니트로벤젠 술폰산 (TNBS)으로의 아미노 기의 트리니트로벤질화; 숙신산 무수물 및 테트라히드로프탈산 무수물로의 아미노 기의 알킬화; 및 피리독사-5'-포스페이트로의 리신의 피리독실화 후의 NABH_4 로의 환원을 포함한다. 아르기닌 잔기의 구아니디노기가 2,3-부탄디온, 페닐글리옥살 및 글리옥살과 같은 시약과의 헤테로고리형 축합 생성물의 형성에 의해 변형될 수 있다. 카르복실기가 α -아실이소우레아 형성을 통한 카르보디이미드 활성화에 이어지는 후속 유도체화, 예를 들어, 상응하는 아미드로의 유도체화에 의해 변형될 수 있다. 술폰히드릴기가 아이오도아세트산 또는 아이오도아세트아미드로의 카르복시메틸화; 시스테인산으로의 퍼포름산 산화; 다른 티올 화합물과의 혼합 디설피드 형성; 말레이미드, 말레산 무수물 또는 다른 치환 말레이미드와의 반응; 4-클로로머큐리벤조에이트, 4-클로로머큐리페닐술폰산, 염화페닐수은, 2-클로로머큐릭-4-니트로페놀 및 다른 수은제를 사용한 수은 유도체의 형성; 알칼리성 pH에서의 시아네이트로의 카르바미드화와 같은 방법에 의해 변형될 수 있다. 트립토판 잔기가, 예를 들어, N-브로모숙신아미드로의 산화 또는 2-히드록시-5-니트로벤질 브로마이드 또는 술폰일 할라이드로의 인돌 고리의 알킬화에 의해 변형될 수 있다. 타이로신 잔기가 테트라니트로메탄으로의 질화로 3-니트로타이로신을 형성하는 것에 의해 변형될 수 있다. 히스티딘 잔기의 이마다졸 고리의 변형이 아이오도아세트산 유도체로의 알킬화 또는 디에틸피로카르보네이트로의 N-카르보에톡실화에 의해 달성될 수 있다. 펩티드 합성 동안 비천연 아미노산 및 유도체를 혼입하는 것의 예는 노르류신, 4-아미노 부티르산, 4-아미노-3-히드록시-5-페닐펜탄산, 6-아미노헥산산, t-부틸글리신, 노르발린, 페닐글리신, 오르니틴, 사르코신, 4-아미노-3-히드록시-6-메틸헵탄산, 2-티에닐알라닌 및/또는 아미노산의 D-이성질체를 사용하는 것을 포함하지만, 이에 제한되지 않는다. 펩티드 구조 변형은 D-아미노산이 코딩하는 반전 서열을 포함하는 레트로-인버소 펩티드의 생성을 포함한다.

[0267]

용어 "변형된 펩티드"는 펩티드의 유도체라는 용어와 상호교환가능하게 사용된다. 변형된 펩티드는 하나 이상의 본원에서 정의된 바와 같은 기로 치환된 펩티드를 포함한다. 변형은 본 발명의 펩티드 및/또는 조성물에 세포 투과 능력 증가를 제공하는 임의의 변형일 수 있다. 변형은 본 발명의 조성물 또는 펩티드의 반감기를 증가시키는 임의의 변형일 수 있다. 한 실시양태에서, 기는 보호기이다. 보호기는 N-말단 보호기, C-말단 보호기 또는 측쇄 보호기일 수 있다. 펩티드는 하나 이상의 이러한 보호기가 있을 수 있다. 관련 분야의 기술자는 아미노산을 이러한 보호기와 반응시키는 적절한 기술을 알고 있다. 이러한 기는 관련 분야에 공지된 제조 방법, 예를 들어, US2014120141의 [0104] 내지 [0107] 단락에 개요된 바와 같은 방법에 의해 부가될 수 있다. 이러한 기는 펩티드 상에 남아 있을 수 있거나 또는 제거될 수 있다. 보호기는 합성 동안 부가될 수 있다. 본 발명의 한 실시양태에서, 펩티드는 포화 또는 불포화의, 1 내지 29개의 탄소 원자를 갖는 히드록실, 아미노, 아미노 아실, 술페이트 또는 술폰드 기로 치환되거나 또는 치환되지 않은 1개 이상의 직쇄 또는 분지쇄, 장쇄 또는 단쇄로부터 선택된 기로 치환될 수 있다. N-아실 유도체는 아세트산, 카프르산, 라우르산, 미리스트산, 옥탄산, 팔미트산, 스테아르산, 베헨산, 리놀레산, 리놀렌산, 리포산, 올레산, 이소스테아르산, 엘라이드산, 2-에틸헥산산, 코코넛 오일 지방산, 수지 지방산, 경화 수지 지방산, 야자핵 지방산, 라놀린 지방산 또는 유사한 산으로부터 유래된 아실 기를 포함한다. 이들은 치환 또는 비치환일 수 있다. 치환된 경우, 이들은 바람직하게는 히드록실, 또는 황 함유 기 (예컨대 SO_3H , SH, 또는 S-S이지만 이에 제한되지 않음)로 치환된다. 본 발명의 한 실시양태에서, 펩티드는 $\text{R}_1\text{-X-R}_2$ 이다. R_1 및/또는 R_2 기는 각각 펩티드 서열의 아미노-말단 (N-말단) 및 카르복실-말단 (C-말단)에 결합된다. 한 실시양태에서, 펩티드는 $\text{R}_1\text{-X}$ 이다. 대안적으로, 펩티드는 X-R_2 이다. 바람직하게는, R_1 은 H, C_{1-4} 알킬, 아세틸, 벤조일 또는 트리플루오로아세틸이고, X는 본 발명의 펩티드이고, R_2 는 OH 또는 NH_2 이다. 한 실시양태에서, R_1 은 H, 비-고리형 치환 또는 비치환 지방족 기, 치환 또는 비치환 알리시클릴, 치환 또는 비치환 헤테로시클릴, 치환 또는 비치환 헤테로아릴알킬, 치환 또는 비치환

아릴, 치환 또는 비치환 아르알킬, Tert-부틸옥시카르보닐, 9-플루오레닐메틸옥시카르보닐 (Fmoc) 및 R_5 -CO-에 의해 형성된 군으로부터 선택되고, 식 중 R_5 는 H, 비-고리형 치환 또는 비치환 지방족 기, 치환 또는 비치환 알리시클릴, 치환 또는 비치환 아릴, 치환 또는 비치환 아르알킬, 치환 또는 비치환 헤테로시클릴 및 치환 또는 비치환 헤테로아릴알킬에 의해 형성된 군으로부터 선택되고; R_2 는 $-NR_3R_4$, $-OR_3$ 및 $-SR_3$ 에 의해 형성된 군으로부터 선택되고, 식 중 R_3 및 R_4 는 H, 비-고리형 치환 또는 비치환 지방족 기, 치환 또는 비치환 알리시클릴, 치환 또는 비치환 헤테로시클릴, 치환 또는 비치환 헤테로아릴알킬, 치환 또는 비치환 아릴, 및 치환 또는 비치환 아르알킬에 의해 형성된 군으로부터 독립적으로 선택되며; 단 R_1 및 R_2 는 α -아미노산이 아니다. 또 다른 바람직한 실시양태에 따르면, R_2 는 $-NR_3R_4$, $-OR_3$ 또는 $-SR_3$ 이고, 식 중 R_3 및 R_4 는 H, 치환 또는 비치환 C_1 - C_{24} 알킬, 치환 또는 비치환 C_2 - C_{24} 알케닐, Tert-부틸옥시카르보닐, 9-플루오레닐메틸옥시카르보닐 (Fmoc), 치환 또는 비치환 C_2 - C_{24} 알킬닐, 치환 또는 비치환 C_3 - C_{24} 시클로알킬, 치환 또는 비치환 C_5 - C_{24} 시클로알케닐, 치환 또는 비치환 C_8 - C_{24} 시클로알킬닐, 치환 또는 비치환 C_6 - C_{30} 아릴, 치환 또는 비치환 C_7 - C_{24} 아르알킬, 3-10개의 구성원의 치환 또는 비치환 헤테로시클릴 고리, 및 탄소 원자 2 내지 24개 및 탄소 이외의 원자 1 내지 3개의 치환 또는 비치환 헤테로아릴알킬 [식 중 알킬 사슬은 탄소 원자 1 내지 6개의 것이다]에 의해 형성된 군으로부터 독립적으로 선택된다. 임의적으로, R_3 및 R_4 는 포화 또는 불포화 탄소-탄소 결합에 의해 결합되어, 질소 원자가 있는 고리를 형성할 수 있다. 더욱 바람직하게는, R_2 는 $-NR_3R_4$ 또는 $-OR_3$ 이고, 식 중 R_3 및 R_4 는 H, 치환 또는 비치환 C_1 - C_{24} 알킬, 치환 또는 비치환 C_2 - C_{24} 알케닐, 치환 또는 비치환 C_2 - C_{24} 알킬닐, 치환 또는 비치환 C_3 - C_{10} 시클로알킬, 치환 또는 비치환 C_6 - C_{15} 아릴 및 3-10개의 구성원의 치환 또는 비치환 헤테로시클릴, 3-10개의 구성원 및 탄소 원자 1 내지 6개의 알킬 사슬이 있는 치환 또는 비치환 헤테로아릴알킬에 의해 형성된 군으로부터 독립적으로 선택된다. 더욱 바람직하게는 R_3 및 R_4 는 H, 메틸, 에틸, 헥실, 도데실, 또는 헥사데실에 의해 형성된 군으로부터 선택된다. 더욱 더 바람직하게는, R_3 은 H이고, R_4 는 H, 메틸, 에틸, 헥실, 도데실, 또는 헥사데실에 의해 형성된 군으로부터 선택된다. 더욱 더 바람직한 실시양태에 따르면, R_2 는 $-OH$ 및 $-NH_2$ 로부터 선택된다.

[0268] 본 발명의 또 다른 실시양태에 따르면, R_1 은 H, 아세틸, 라우로일, 미리스토일 또는 팔미토일에 의해 형성된 군으로부터 선택되고, R_2 는 $-NR_3R_4$ 또는 $-OR_3$ 이며, 식 중 R_3 및 R_4 는 H, 메틸, 에틸, 헥실, 도데실 및 헥사데실로부터 독립적으로 선택되고, 바람직하게는 R_2 는 $-OH$ 또는 $-NH_2$ 이다. 더욱 바람직하게는, R_1 은 아세틸 또는 팔미토일이고, R_2 는 $-NH_2$ 이다. 바람직한 실시양태에서, 아실 기가 펩티드의 적어도 하나의 아미노산의 N-말단 끝부분에 결합된다. 본 발명의 한 실시양태에서, 펩티드는 측쇄 보호기를 포함하도록 변형된다. 측쇄 보호기는 벤질 또는 벤질을 기초로 하는 기, t-부틸을 기초로 하는 기, 벤질옥시-카르보닐 (Z) 기, 및 알릴옥시카르보닐 (alloc) 보호기를 포함하는 기 중 하나 이상일 수 있다. 측쇄 보호기는 비-키랄(achiral) 아미노산 예컨대 비-키랄 글리신으로부터 유도될 수 있다. 비-키랄 아미노산을 사용하는 것은 생성된 펩티드를 안정화시키기는 것과 또한 본 발명의 수월한 합성 경로를 용이하게 하는 것을 돕는다. 바람직하게는, 펩티드는 변형된 C-말단, 바람직하게는 아미드화 C-말단을 추가로 포함한다. 비-키랄 잔기는 알파-아미노이소부티르산 (메틸알라닌)일 수 있다. 사용된 특정한 측쇄 보호기는 펩티드의 서열 및 사용된 N-말단 보호기의 유형에 좌우될 것임이 이해될 것이다.

[0269] "접합체": 본 발명의 한 실시양태에서, 펩티드는 결합 파트너, 예를 들어 하나 이상의 폴리에틸렌 글리콜 중합체 또는 다른 화합물, 예컨대 분자량을 증가시키는 화합물 또는 친지성 기에 접합, 연결 또는 융합된다. 분자량을 증가시키는 화합물은 생성된 접합체의 분자량을 전형적으로 10% 내지 90%, 또는 20% 내지 50%만큼 증가시킬 임의의 화합물이고, 200 내지 20,000, 바람직하게는 500 내지 10,000의 분자량을 가질 수 있다. 분자량을 증가시키는 화합물은 PEG, 임의의 수용성 (양친매성 또는 친수성) 중합체 모이어티, PEG의 단독중합체 또는 공중합체, PEG의 모노메틸-치환 중합체 (mPEG) 및 폴리옥시에틸렌 글리세롤 (POG), 폴리아미노산 예컨대 폴리-리신, 폴리-글루탐산, 폴리-아스파르트산, 특히 L 형상의 것, 약리학적으로 불활성인 단백질 예컨대 알부민, 젤라틴, 지방산, 다당류, 지질 아미노산 및 텍스트란일 수 있다. 중합체 모이어티는 직쇄형 또는 분지형일 수 있고, 500 내지 40000 Da, 5000 내지 10000 Da, 10000 내지 5000 Da의 분자량을 가질 수 있다. 화합물 (결합 파트너)은 임의의 적절한 세포 투과 화합물, 예컨대 tat 펩티드, 페넨트라틴, pep-1일 수 있다. 화합물 (결합 파트너)은 항체 분자일 수 있다. 화합물 (결합 파트너)은 친지성 모이어티 또는 중합체성 모이어티일 수 있다. 친지성 치환기 및 중합체성 치환기가 관련 분야에 공지되어 있다. 친지성 치환기는 아실 기, 술폰닐 기,

N 원자, O 원자 또는 S 원자 (에스테르, 술폰일 에스테르, 티오에스테르, 아마이드 또는 술폰아마이드의 일부를 형성함)를 포함한다. 친지성 모이어티는 4 내지 30개의 C 원자, 바람직하게는 8 내지 12개의 C 원자가 있는 탄화수소 사슬을 포함할 수 있다. 이는 선형 또는 분지형, 포화 또는 불포화일 수 있다. 탄화수소 사슬은 추가로 치환될 수 있다. 이는 시클로알칸 또는 헤테로시클로알칸일 수 있다. 펩티드는 N-말단, C-말단 또는 둘 다에서 변형될 수 있다. 중합체 또는 화합물 (결합 파트너)은 바람직하게는 아미노, 카르복실 또는 티오 기에 연결되고, 임의의 아미노산 잔기의 측쇄의 N-말단 또는 C-말단에 의해 연결될 수 있다. 중합체 또는 화합물 (결합 파트너)은 임의의 적절한 잔기의 측쇄에 접합될 수 있다. 중합체 또는 화합물 (결합 파트너)은 스페이서를 통해 접합될 수 있다. 스페이서는 천연 또는 비천연 아미노산, 숙신산, 리실, 글루타미, 아스파라길, 글리실, 베타-알라닌, 감마-아미노 부타노일일 수 있다. 중합체 또는 화합물 (결합 파트너)은 에스테르, 술폰일 에스테르, 티오에스테르, 아마이드, 카르바메이트, 요소, 술폰아마이드를 통해 접합될 수 있다. 관련 분야의 기술자는 기술된 접합체를 제조하는 적절한 수단을 알고 있다.

[0270] "단편"은 서열식별번호: 1 내지 14로부터 선택된 단백질의 분절을 의미하고, 이러한 단편은 전형적으로 7 내지 37개의 연속적인 아미노산의 길이이고, 일반적으로 전하가 -9 내지 +3이며; c-말단 아미노산이 전형적으로 시스테인 (C) 또는 메티오닌 (M)이 아니고; n-말단 아미노산이 전형적으로 시스테인 (C), 히스티딘 (H), 프롤린 (P) 또는 트레오닌 (T)이 아니다. 펩티드, 단편 또는 영역의 전하는 문헌 [Cameselle, J.C., Ribeiro, J.M., and Sillero, A. (1986). Derivation and use of a formula to calculate the net charge of acid-base compounds. Its application to amino acids, proteins and nucleotides. *Biochem. Educ.* 14, 131-136]의 방법을 사용하여 결정된다.

[0271] 펩티드에 적용된 바와 같은 용어 "천연"은 (a) 식물 단백질, 전형적으로는 벼 또는 완두 단백질, 또는 렌틸, 스위트피 또는 병아리콩을 포함하는 완두 단백질의 변이체, 또는 귀리, 벼과 식물, 옥수수, 줄포 및 바나나를 포함하는 벼 단백질의 변이체의 단편, 또는 (b) 식물 단백질의 단편의 변이체, 예를 들어 식물 단백질의 상동체의 단편을 포함하는 펩티드를 의미한다. 본 발명의 펩티드 또는 단편은 관련 분야의 기술자에게 공지되어 있고 본원에 기술된 방법을 사용하여 식물 단백질로부터 분리될 수 있거나 또는 합성으로 제조될 수 있다.

[0272] 단편에 적용된 바와 같은 "C-말단 도메인"은 단편의 c-말단의 처음 3개의 아미노산을 의미한다.

[0273] 단편에 적용된 바와 같은 "N-말단 도메인"은 단편의 n-말단의 마지막 3개의 아미노산을 의미한다.

[0274] 펩티드 또는 단편에 적용된 바와 같은 "생물활성"은 포유동물에게 투여되었을 때 건강 촉진 효과, 예를 들어 글루코스 운반 촉진, 항균, 항염증, 또는 세포 성장 또는 증식 촉진 중 하나 이상이 있다는 것을 의미한다. 한 실시양태에서, 용어 "생물활성"은 세포 성장 촉진을 의미한다.

[0275] 펩티드 또는 단편에 적용된 바와 같은 "성장 촉진" 또는 "성장 촉진 활성"은 하기의 검정법에 기술된 바와 같이 펩티드 또는 단편의 20 μ M 용액으로 처리된 인간 피부의 엘라스틴 생산 또는 세포 증식을 증가시킬 수 있는 펩티드 또는 단편을 의미한다.

[0276] 펩티드 또는 변이체 또는 단편에 적용된 바와 같은 "글루코스 운반 촉진" 또는 "글루코스 운반 촉진 활성"은 하기의 시험관내 검정법에서 2 μ M의 농도로 사용되었을 때 미처리 대조군과 비교하여 골격근 내로의 GLUT4 전위를 증가시킬 수 있는 펩티드, 변이체 또는 단편을 의미한다. L6-GLUT4myc 세포를 10% FBS 및 2 μ g/ml 블라스티시딘에서 성장시켰다. 세포를 48-72시간 동안 성장시킨 후, 24-웰 플레이트에서 웰당 15,000개의 세포로 2% FBS 내에 시딩하고, 실험 전에 6 내지 8일 동안 분화시켰다. L6-GLUT4myc 세포를 3시간 동안 혈청-고갈시킨 후, 100 nM의 인슐린과 함께 30분 동안, 또는 200, 20, 2.0 및 0.2 μ M의 SP, 및 2, 1, 0.5 및 0.25 mg/ml의 펩티드/펩티드 조성물과 함께 3시간 동안 각각 인큐베이션하였다. 3시간 인큐베이션 기간은 분지쇄 아미노산을 함유하는 디펩티드와 함께 3시간 동안 인큐베이션하는 것이 L6 근관에서 글루코스 섭취를 증가시킨다는 것이 확인된 기존의 발견 (1)을 기초로 선택되었다. 동일한 시점에 GLUT4myc 전위를 결정하기 위해 처리들에 시차를 두었다. 세포 표면에서의 myc-태그가 부착된 GLUT4의 양을 항체-커플링 비색 검정법에 의해 측정하였다. 간략하게, 인슐린과 함께 30분 동안 또는 합성 펩티드 또는 펩티드 조성물과 함께 3시간 동안 각각 인큐베이션한 후, L6-GLUT4myc 세포를 3% 파라포름알데히드 (PFA)와 함께 인큐베이션하는 것을 통해 고정시켰다. 그 후, 0.1 M 글리신 용액을 첨가하여 PFA를 쉼치시키고, 세포를 5% 염소 혈청으로 차단하였다. 근관 단층을 항-myc 항체에 노출시킨 후, 퍼옥시다제가 접합된 당나귀 항-마우스 IgG와 함께 인큐베이션하였다. 1 mL의 o-페닐렌디아민 디히드로클로라이드 (OPD) 시약을 각각의 웰에 첨가하였고, 이러한 반응을 250 μ l/웰의 3 M HCl을 첨가함으로써 정지시켰다. 세포 표면으로의 GLUT4 전위를 결정하기 위해, 각각의 조건의 측정된 분광량을 492 nm에서의 흡광도를 사용하여 플레이트 판독기 상에서 분광광도법으로 결정하였다. 바람직하게는, 펩티드 또는 단편이 미처리

대조군과 비교하여 적어도 50%만큼 GLUT4 전위를 증가시킬 수 있다 (즉, 1%에서 1.5%로의 GLUT4 전위의 상대적 단위 증가).

- [0277] 펩티드 또는 단편에 적용된 바와 같은 "항균" 또는 "항균 활성"은 하기의 한천-플레이트를 기초로 하는 성장 억제 검정법에서 박테리아 성장을 가시적으로 억제할 수 있는 펩티드 또는 단편을 의미한다: 펩티드 모액 = DMSO에 용해된 5 mg/mL. 박테리아 접종원을 맥파랜드(McFarland) 0.5 표준으로 조정하였고, MHA 플레이트를 먼봉으로 소독하였다. 빈 디스크를 플레이트 내에 놓고, 10 μ L의 각각의 화합물 (64 μ g/mL - 테스트된 최대 농도)을 첨가하였다. 플레이트를 37°C에서 16-18시간 동안 인큐베이션하였다. 적합한 대조군 (DMSO; 뮐러-힌튼 (Mueller-Hinton) 배지 단독; 및 2개의 항생제 디스크 - 시프로플록사신 및 테트라사이클린)을 또한 수행하였다.
- [0278] 펩티드 또는 단편에 적용된 바와 같은 "항염증"은 대식세포를 100 μ M의 펩티드 또는 단편으로 처리했을 때 (미처리 LPS-자극 J774.2 대식세포에 비교하여) LPS-자극 J774.2 대식세포에 의한 TNF α 의 분비를 유의하게 감소시킬 수 있는 펩티드 또는 단편을 의미한다. J774.2 대식세포를 100 μ M의 합성 펩티드로 24시간 동안 처리한 후, (A) LPS (10 ng/ml)로 5시간 동안, 또는 (B) LPS (10 ng/ml)로 5시간 동안, 이어서 ATP (5 mM)로 1시간 동안 자극하였다. 상청액을 수집하고, TNF α 의 수준을 ELISA에 의해 결정하였다.
- [0279] 본 발명의 조성물에 적용된 바와 같은 "10 KD 미만의 분자량을 갖는 펩티드가 강화된"은 10 KD 미만의 분자량을 갖는 조성물 내의 펩티드의 건조 중량 %가 10 KD 이상의 분자량을 갖는 조성물 내의 폴리펩티드/단백질의 건조 중량 %보다 큰 것을 의미한다.
- [0280] 기준 단백질의 "상동체"는 기준 단백질과 적어도 60%, 70%, 80%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 서열 상동성을 갖는 상이한 식물 종으로부터의 단백질을 의미하는 것으로 이해되어야 한다. 따라서, 예를 들어, 완두 단백질 P13918의 상동체는 하기를 포함한다:
- [0281] >gi|137584|sp|P08438.1|VCL_VICFA 기록명: 전장=비실린(Vicilin); 플래그: 전구체 [비시아 파바]
>gi|22057|emb|CAA68559.1| 비실린 [비시아 파바 변종 마이너(Vicia faba var. minor)]
>gi|383931031|gb|AFH56916.1| 비실린 [비시아 파바]
- [0282] >gi|502105533|ref|XP_004492829.1| 예측: 비실린-유사 이소형 X1 [시세르 아리에티눔] 병아리콩
- [0283] >gi|29539109|emb|CAD87730.1| 알레르겐 Len c 1.0101 [렌스 콜라나리스] 렌틸
- [0284] 성장 촉진 단편의 "변이체"는 기준 성장 촉진 단편과 실질적으로 동일한 아미노산 서열을 갖고 상기 정의된 바와 같은 성장 촉진 활성을 갖는 단편을 의미하는 것으로 해석되어야 한다. 따라서, 예를 들어, 이러한 용어는 하나 이상의 아미노산 잔기와 관련하여 변경된 단편을 포함하도록 해석되어야 한다. 바람직하게는, 이같은 변경은 5개 이하의 아미노산, 더욱 바람직하게는 4개 이하, 더욱 더 바람직하게는 3개 이하, 가장 바람직하게는 단지 1 또는 2개의 아미노산의 삽입, 부가, 결실 및/또는 치환을 수반한다. 천연 및 변형 아미노산으로의 삽입, 부가 및 치환이 구상된다. 변이체는 도입되는 아미노산이 치환되는 것과 구조적으로, 화학적으로 또는 기능적으로 유사한 보존적 아미노산 변화가 있을 수 있다. 일반적으로, 변이체는 기준 성장 촉진 단편과 적어도 70% 아미노산 서열 상동성, 바람직하게는 적어도 80% 서열 상동성, 더욱 바람직하게는 적어도 90% 서열 상동성, 이상적으로는 적어도 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99% 서열 상동성을 가질 것이다.
- [0285] 본 명세서에서, 용어 "서열 동일성"은 서열 동일성 및 유사성 둘 다를 포함하는 것으로 이해되어야 하고, 즉, 기준 서열과 70% 서열 동일성을 공유하는 변이체 (또는 상동체)는 변이체 (또는 상동체)의 정렬된 잔기 중 임의의 70%가 서열의 전체 길이에 걸쳐 기준 서열 내의 상응하는 잔기와 동일하거나 그의 보존적 치환인 것이다. 서열 동일성은 2개의 상이한 서열 사이에서 정확하게 맞춰지는 특성의 양이다. 이에 의해, 갭은 계수되지 않고, 측정은 2개의 서열 중 더 짧은 것에 관련된다. "서열 상동성"에 있어서, 이러한 용어는 규정된 퍼센트 유사성 또는 동일성을 기준 서열과 공유하는 변이체 (또는 상동체)가 변이체 (또는 상동체)의 정렬된 잔기 중 이러한 백분율이 기준 서열 내의 상응하는 잔기와 동일하거나 또는 그의 보존적 치환이고 변이체 (또는 상동체)가 기준 서열과 동일한 기능을 공유하는 경우인 것을 의미하는 것으로 이해되어야 한다. 이러한 정렬 및 퍼센트 상동성 또는 서열 동일성을 관련 분야에 공지된 소프트웨어 프로그램을 사용하여 결정할 수 있고, 예를 들어, 한 정렬 프로그램은 BLAST이며, 디폴트 파라미터를 사용한다. 이러한 프로그램의 상세사항을 하기의 인터넷 주소에서 확인할 수 있다: <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/blast/Blast.cgi>.
- [0286] 서열식별번호: 448 (QSFLLSGNQ)의 변이체

- [0287] 1 또는 2개의 보존적 아미노산 치환, 1, 2 내지 3개의 비-보존적 아미노산 치환, 1-2개의 아미노산 부가, 1, 2 또는 3개의 아미노산 결실이 있는 변이체를 포함하는, 서열식별번호: 448 (QSFLLSGNQ)의 변이체가 하기에서 제공된다:
- [0288] 1개의 보존적 아미노산 치환:
- [0289] QSFILSGNE, ESFLLSGNQ, QSYLLSGNQ, QSFLLSGDQ (서열식별번호: 418-421)
- [0290] 2개의 보존적 아미노산 치환:
- [0291] QSYLLSGNE, ESFLLSGNE, ESYLLSGNQ, QSFLLSGDE, QSYLLSGDQ (서열식별번호: 422 내지 426)
- [0292] 1개의 비-보존적 아미노산 치환
- [0293] QSFRLSGNQ, QSFLLSYNQ, QFFLLSGNQ, QSFLLSGAQ, QSFLLSGNP (서열식별번호: 427 내지 431)
- [0294] 2개의 비-보존적 아미노산 치환
- [0295] QSFRRSGNQ, QSFLLSYIQ, QFFLLSGNL, QSFLLSGAQ, QSFLLSGNP (서열식별번호: 432 내지 436)
- [0296] 1 또는 2개의 아미노산 부가
- [0297] QSFLLSGNQQ, QSFLLSGNQ, AQSFGLLSGNQ, RQSFLLSGNQ, QSFLLSGNQK (서열식별번호: 437 내지 441)
- [0298] 1, 2 또는 3개의 아미노산 결실
- [0299] QFLLSGNQ, SFLLSGNQ, QSFLLSGN, QSFLLGNG, QSFLSGNQ, QSLLSGNQ, SFLLSGNQ, QSFLLSGN, SFLLSGN, QSFSGNQ (서열식별번호: 442 내지 451)
- [0300] 용어 "변이체"는 본 발명의 펩티드의 단편을 또한 포함한다. "본 발명의 펩티드의 단편" 또는 "펩티드 단편"은 적어도 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21 또는 22개의 아미노산을 갖고 전형적으로 생물활성, 예를 들어 항염증 활성, 항노화 활성, 글루코스 운반 촉진 활성, 또는 항균 활성을 갖는 본 발명의 펩티드 중 하나의 단편을 의미한다. 한 실시양태에서, 단편은 기준 서열의 적어도 30%, 40%, 50%, 60%, 70%, 80%, 또는 90%로 이루어진다. 따라서, 본 발명은 본 발명의 펩티드의 생물활성 단편, 및 이러한 단편 중 하나 이상을 포함하는 펩티드를 또한 제공한다. 한 실시양태에서, 단편은 세포 성장 또는 증식 촉진 단편이다. 본 발명의 펩티드의 단편의 예가 서열식별번호: 494 내지 524에서 제공된다.
- [0301] "항노화"는 인간 피부의 노화의 출현을 억제하거나 늦추는 것 및/또는 노화의 출현을 역전시키는 것을 의미한다. "피부의 노화를 늦추거나 억제함"은 피부에서의 노화 프로세스를 늦추거나 억제하는 것, 및/또는 노화의 출현을 역전시키는 것을 의미한다.
- [0302] "손상된 진피 또는 상피 세포 또는 조직을 특징으로 하는 질환 또는 병태"는 손상된 진피 또는 상피 조직 또는 세포 또는 기관을 초래하는 임의의 병태 또는 질환을 의미한다. 한 예는 외상이고, 이는 손상된 피부를 종종 초래한다. 또 다른 예는 염증성 피부 상태 예컨대 건선 또는 습진이고, 이는 손상된 피부를 종종 초래한다. 또 다른 예는 하부 창자의 염증성 장애이고, 이는 하부 창자의 내벽을 이루는 손상된 상피 세포/조직을 초래할 수 있다. 또 다른 예는 독성 또는 손상 물질, 예를 들어 독성 화학물질 또는 약물의 섭취에 의해 야기된 하부 창자의 내벽을 이루는 손상된 상피 세포/조직이다. 또 다른 예는 암, 예를 들어 창자암이고, 이는 창자 내의 손상된 상피 조직을 초래할 수 있다. 또 다른 병태는 말초 염증성 장애 예컨대 아토피성 피부염이고, 이는 인간에서 피부에 대한 손상을 초래할 수 있다.
- [0303] "염증성 장애"는 인간에 영향을 미치고 하나 이상의 시토카인의 발현 조절 이상을 일반적으로 특징으로 하는 면역-매개 염증성 병태를 의미한다. 염증성 장애의 예는 피부 염증성 장애, 관절의 염증성 장애, 심혈관계의 염증성 장애, 특정한 자가면역 질환, 폐 및 기도 염증성 장애, 장 염증성 장애를 포함한다. 피부 염증성 장애의 예는 피부염, 예를 들어 아토피성 피부염 및 접촉 피부염, 보통 여드름, 및 건선을 포함한다. 관절의 염증성 장애의 예는 류머티스성 관절염을 포함한다. 심혈관계의 염증성 장애의 예는 심혈관 질환 및 죽상동맥경화증이다. 자가면역 질환의 예는 1형 당뇨병, 그레이브스병, 길랑-바레병, 루푸스, 건선성 관절염, 및 췌양성 결장염을 포함한다. 폐 및 기도 염증성 장애의 예는 천식, 만성 섬유증, COPD, 폐기종, 및 급성 호흡 곤란 증후군을 포함한다. 장 염증성 장애의 예는 결장염 및 염증성 장 질환을 포함한다. 다른 염증성 장애는 암, 건초열, 치주염, 알레르기, 과민증, 허혈, 우울증, 전신 질환, 감염후 염증 및 기관지염을 포함한다. 본 발명은 포유동물

에서의 염증성 장애를 치료하는데 사용하기 위한 본 발명의 펩티드 또는 조성물에 또한 관련된다.

- [0304] "대사 장애"는 당뇨병 전기, 당뇨병; 1형 당뇨병; 2형 당뇨병; 대사 증후군; 비만; 당뇨병성 이상지질혈증; 고지혈증; 고혈압; 고트리글리세리드혈증; 고지방산혈증; 고콜레스테롤혈증; 고인슐린혈증, 및 MODY를 포함하는 것으로 이해되어야 한다. 본 발명은 포유동물에서 대사 장애를 치료하는데 사용하기 위한 본 발명의 펩티드 또는 조성물에 또한 관련된다.
- [0305] "손상된 진피 또는 상피 세포 또는 조직을 특징으로 하는 질환 또는 병태"는 손상된 진피 또는 상피 조직 또는 세포 또는 기관을 초래하는 임의의 병태 또는 질환을 의미한다. 한 예는 외상이고, 이는 손상된 피부를 종종 초래한다. 또 다른 예는 염증성 피부 상태 예컨대 건선 또는 습진이고, 이는 손상된 피부를 종종 초래한다. 또 다른 예는 하부 창자의 염증성 장애이고, 이는 하부 창자의 내벽을 이루는 손상된 상피 세포/조직을 초래할 수 있다. 또 다른 예는 독성 또는 손상 물질, 예를 들어 독성 화학물질 또는 약물의 섭취에 의해 야기된 하부 창자의 내벽을 이루는 손상된 상피 세포/조직이다. 또 다른 예는 압, 예를 들어 창자압이고, 이는 창자 내의 손상된 상피 조직을 초래할 수 있다. 또 다른 병태는 말초 염증성 장애 예컨대 아토피성 피부염이고, 이는 인간에서 피부에 대한 손상을 초래할 수 있다.
- [0306] "박테리아 감염을 특징으로 하는 질환 또는 병태"는 박테리아 성장 또는 박테리아 감염에 의해 야기되는 병리상태가 있는 것을 특징으로 하는 임의의 병태 또는 질환을 의미하고, 예를 들어, MRSA, 살모넬라, 리스테리아, 박테리아성 폐렴, 스타필로코쿠스 식중독, 박테리아성 수막염을 포함한다. 구체적인 예가 https://en.wikipedia.org/wiki/List_of_infectious_diseases에서 제공된다.
- [0307] 식료품에 적용된 바와 같은 "인공"은 인간에 의해 제조되고 천연에는 존재하지 않는다는 것을 의미하는 것으로 이해되어야 한다.
- [0308] "장 건강을 유지 또는 복구시킴"은 장, 더욱 구체적으로는 상피 세포에서 염증유발성 반응을 감소시키고/시키거나 조절하는 것을 의미한다. 건강한 마이크로바이옴은 병원성 바이러스 및 박테리아에 대한 약간의 보호를 제공하고, 이들의 존재가 우리의 면역계의 발달을 안내하는데 요구된다. 이러한 박테리아가 염증에 의해 명시될 수 있는 스트레스, 병, 또는 연령에 대한 인간 신호에 반응하고, 그 결과 이들의 발병 유전자의 스위치를 켜고, 질환을 야기하거나 또는 질환에 기여할 수 있는 것으로 나타났다. 감소시키고 건강한 수준으로 유지시키는 능력이 있으면, 염증성 반응은 건강한 박테리아를 유지시키는데 도움이 될 수 있다. 복미에서 1순위 건강 문제를 이루는 소화 문제가 최근 더 많은 빈도로 발생하는 것으로 나타난다. 소화 건강을 유지시키는 한 방식은 적합한 염증 및 장 세균총을 유지시키는 것이다.
- [0309] "근육 상태를 개선함"은 근육 건강을 개선하는 것, 예를 들어, 골격근 단백질 합성, 골격 글루코스 흡수를 촉진하는 것, 치료적 또는 비-치료적 맥락에서 제지방 조직 질량을 개선하는 것, 일반적으로 활동 운동 후에 근육 회복을 촉진하는 것, 또는 근육 성능을 개선하는 것을 의미한다. 이러한 방법 또는 용도는 치료적 또는 비-치료적일 수 있다. 용어 "제지방 조직 질량 상태를 개선함"은 제지방 조직 질량을 증가시키는 것, 또는 제지방 조직 질량 분해의 속도를 억제하거나 이를 방지하는 것을 의미하는 것으로 이해되어야 한다.
- [0310] "근육 회복을 촉진함"은 미처리 골격근과 비교하여 골격근에서의 글루코스 흡수의 증가를 야기하는 것을 의미한다.
- [0311] "무기력 또는 낮은 에너지 수준을 특징으로 하는 질환 또는 병태"는 피곤함 또는 낮은 에너지의 느낌을 특징으로 하는 임의의 병태 또는 질환을 의미한다. 예는 알레르기, 천식, 빈혈, 압 및 그의 치료, 만성 통증, 심장 질환, 감염, 우울증, 식이 장애, 비통, 수면 장애, 갑상선 문제, 투약 부작용, 알콜 사용, 또는 약물 사용을 포함한다.
- [0312] "근육 건강을 유지 또는 복구시킴"은 운동 동안 발생한 손상으로부터 초래된 포유동물의 근육 건강을 유지 또는 복구시키는 것을 돕는 것을 의미한다. 골격근에서의 글루코스 운반을 촉진함으로써, 펩티드는 운동으로부터 회복을 촉진하고, 운동과 연관된 근육 고통/통증 및 손상을 완화시킨다. 이는 근육 경련을 감소시키고 방지하는데, 그리고 근육 경련으로부터 더 빠른 회복을 허용하는데 또한 사용될 수 있다. 경련은 육체적 스트레스, 정신적 스트레스, 및/또는 반복사용 긴장성 손상 스트레스로부터 초래될 수 있다. 글루코스 운반을 촉진함으로써, 펩티드는 근육의 근육병증을 감소시키는 것을 돕고, 포유동물에서 근육감소증을 방지하는 것, 운동 동안의 손상으로부터 회복을 촉진하는 것, 및 운동과 연관된 근육 고통/통증 및 손상을 완화하는 것을 돕는다. 본 발명은 포유동물에서 근육 건강을 유지 또는 복구시키는데 사용하기 위한 본 발명의 펩티드 또는 조성물에 또한 관련된다.

[0313] 본 명세서에서, 펩티드의 목록에 적용된 바와 같은 용어 "실질적으로 모든"은 펩티드의 적어도 60%, 70%, 80%, 90% 또는 95%를 의미하는 것으로 이해되어야 한다.

[0314] 식료품에 적용된 바와 같은 "인공"은 인간에 의해 제조되고 천연에는 존재하지 않는다는 것을 의미하는 것으로 이해되어야 한다.

도면의 간단한 설명

[0315] 도 1 내지 100: 인간 진피 섬유모세포 (HDF)의 증식에 대한 본 발명의 합성 펩티드의 효과.

도 101: 인간 진피 섬유모세포 (HDF)의 엘라스틴 합성에 대한 본 발명의 합성 펩티드 (서열식별번호: 42)의 효과.

도 102: 인간 진피 섬유모세포 (HDF)의 콜라겐 합성에 대한 본 발명의 합성 펩티드 (서열식별번호: 42)의 효과.

도 103: 인간 진피 섬유모세포 (HDF)의 엘라스틴 합성에 대한 본 발명의 합성 펩티드 (서열식별번호: 701)의 효과.

도 104: 인간 진피 섬유모세포 (HDF)의 콜라겐 합성에 대한 본 발명의 합성 펩티드 (서열식별번호: 701)의 효과.

도 105: 인간 진피 섬유모세포 (HDF)의 엘라스틴 합성에 대한 본 발명의 합성 펩티드 (서열식별번호: 246)의 효과.

도 106: 인간 진피 섬유모세포 (HDF)의 콜라겐 합성에 대한 본 발명의 합성 펩티드 (서열식별번호: 246)의 효과.

도 107: 인간 진피 섬유모세포 (HDF)의 엘라스틴 합성에 대한 본 발명의 합성 펩티드 (서열식별번호: 284)의 효과.

도 108: 인간 진피 섬유모세포 (HDF)의 엘라스틴 합성에 대한 본 발명의 합성 펩티드 (서열식별번호: 245)의 효과.

도 109: 인간 진피 섬유모세포 (HDF)의 콜라겐 합성에 대한 본 발명의 합성 펩티드 (서열식별번호: 245)의 효과.

도 110. 검정 시스템에 대한 완전성 대조군 및 생육력 대조군을 나타낸다.

도 111. 펩티드 P1, P2 및 P3에 대한 대조군 (물 또는 DMSO)에 비교된 표층 진피에서의 엘라스틴 발현의 %

*는 표층 및 중간층 진피에서의 엘라스틴 발현의 유의한 증가를 나타낸다.

도 112. 펩티드 P1, P2 및 P3에 대한 대조군 (물 또는 DMSO)에 비교된 중간층 진피에서의 엘라스틴 발현의 %.

*는 표층 및 중간층 진피에서의 엘라스틴 발현의 유의한 증가를 나타낸다.

도 113. 펩티드 P6 및 P8, 및 펩티드 조성물 P9 및 P10에 대한 대조군 (물 또는 DMSO)에 비교된 표피의 기저층에서의 세포 증식의 %

*는 유의한 증가를 나타낸다.

도 114. 탄력 섬유의 조직학적 분석 (+카테킨, x200)

도 115. 유사분열 지수의 면역조직화학적 평가 (Ki67, x400)

발명을 실시하기 위한 구체적인 내용

[0316] 실시예 1 - 세포 증식 검정법

[0317] 활발하게 증식 중인 세포의 새롭게 합성된 DNA 가닥 내로 BrDu가 혼입된다. 이중 가닥 DNA의 부분적인 변형 후, Brdu를 면역화학적으로 검출하여, DNA를 합성하고 있는 세포들의 집단을 평가한다.

[0318] 인간 진피 섬유모세포 (HDF - 시그마(Sigma) 10605a)를 96웰 플레이트에서 웰당 10,000개의 세포로 10% 송아지 태아 혈청 (FCS), 1% 페니실린/스트렙토마이신, 1% L-글루타민을 함유하는 DMEM 내에 시딩하고, 24시간 동안 부

착시켰다.

[0319] 최초의 24시간 인큐베이션 후, 세포를 24시간 동안 5 $\mu\text{g/ml}$, 0.5 $\mu\text{g/ml}$ 또는 0.05 $\mu\text{g/ml}$ 의 합성 펩티드와 함께 각각 인큐베이션하였다.

[0320] 합성 펩티드와의 18시간 인큐베이션 후, 20 μl BrDu 시약을 각각의 웰에 첨가하였다.

[0321] 24시간 인큐베이션 시, 세포를 고정시켰고, BrdU 세포 증식 검정법을 사용하여 2-DG6P의 양을 측정하였으며, 모든 단계를 제조사의 설명서에 따라 수행하였다.

[0322] 결과는 미처리 대조군의 백분율로서 계산되었다. 광학 밀도 판독값의 증가는 더 많은 BrDu 혼입 및 세포 증식 증가를 가리킨다.

[0323] 결과가 도 1-100 및 하기 표 1에서 제시된다.

[0324] **표 1**

도면 번호	서열식별번호	증식 증가	도면 번호	서열식별번호	증식 증가
1	121	48%	29	98	49%
2	105	40%	30	454	38%
3	249	30%	31	85	35%
4	226	30%	32	453	25%
5	84	20%	33	158	21%
6	330	18%	34	464	18%
7	181	33%	35	73	16%
8	83	32%	36	359	15%
9	247	28%	37	124	15%
10	97	26%	38	112	15%
11	74	29%	39	733	
12			40	728	
13	168		41	727	
14	151		42	730	
15	470	119%	43	731	
16	257	118%	44	148	
17	256	117%	45	343	
18	457	114%	46	345	
19	499	113%	47	484	
20	253	112%	48	729	
21	222	110%	49	456	
22	272	97%	50	494	
23	252	111%	51	723	
24	248	86%	52	722	
25	472	77%	53	498	
26	365	58%	54	475	13%
27	502	68%	55	718	
28	496	51%	56	337	8%

[0325]

57	500	6%	79	463	100%
58	717		80	465	96%
59	297		81	467	90%
60	340		82	461	85%
61	719		83	341	83%
62	726		84	468	82%
63	725		85	285	81%
64	724		86	496	81%
65	720		87	146	80%
66	721		88	478	76%
67	503	125%	89	452	76%
68	474	121%	90	495	68%
69	504	119%	91	403	51%
70	114	119%	92	455	47%
71	505	118%	93	270	47%
72	482	113%	94	501	43%
73	479	106%	95	473	41%
74	477	81%	96		39%
75	410	73%	97	471	38%
76	475	69%	98	460	38%
77	497	58%	99	93	26%
78	480	102%	100	462	15%

[0326]

[0327]

실시예 2 - 콜라겐 생산 검정법

[0328]

조직 제제 내의 히드록시프롤린은 존재하는 콜라겐의 양의 직접적인 척도이다. FIRELISA 인간 히드록시프롤린 ELISA 키트 검정법은 조직 또는 펩티드 조성물 내의 히드록시프롤린을 측정하도록 디자인된다.

[0329]

인간 진피 섬유모세포 (HDF 시그마 10605a)를 24웰 플레이트에서 웰당 50,000개의 세포로 10% 송아지 태아 혈청 (FCS), 1% 페니실린/스트렙토마이신, 1% L-글루타민을 함유하는 DMEM 내에 시딩하고, 24시간 동안 부착시켰다.

[0330]

최초의 24시간 인큐베이션 후, 세포를 96시간 동안 5 $\mu\text{g/ml}$, 1 $\mu\text{g/ml}$ 또는 0.1 $\mu\text{g/ml}$ 의 합성 펩티드와 함께 각각 인큐베이션하였다.

[0331]

처리 후, 액체 질소에서의 4회의 냉동-해동 사이클을 사용하여 세포를 용해시켰다. 용해된 세포를 원심분리하고, 50 $\mu\text{l/ml}$ 의 각각의 상청액을 FIRELISA 인간 히드록시프롤린 ELISA 키트를 사용하여 검정하였다. 모든 단계를 제조사의 설명서에 따라 수행하였다.

[0332]

결과는 미처리 대조군의 백분율로서 계산되었다. 광학 밀도 판독값의 증가는 콜라겐 함량 증가를 가리킨다.

[0333]

결과가 도 102, 104, 106 및 109에서 제시된다.

[0334]

실시예 3 - 엘라스틴 생산 검정법

[0335]

엘라스틴은 결합 조직 내의 고도로 탄력적인 단백질이고, 신체 내의 다수의 조직이 신장 또는 수축 후 그의 형상을 되찾게 허용한다. FIRELISA 인간 엘라스틴 ELISA 키트 검정법은 조직 또는 단백질/펩티드 조성물 내의 엘라스틴을 측정하도록 디자인된다.

[0336]

인간 진피 섬유모세포 (HDF)를 24웰 플레이트에서 웰당 50,000개의 세포로 10% 송아지 태아 혈청 (FCS), 1% 페니실린/스트렙토마이신, 1% L-글루타민을 함유하는 DMEM 내에 시딩하고, 24시간 동안 부착시켰다.

[0337]

최초의 24시간 인큐베이션 후, 세포를 96시간 동안 5 $\mu\text{g/ml}$, 1 $\mu\text{g/ml}$ 또는 0.1 $\mu\text{g/ml}$ 의 합성 펩티드와 함께 각각 인큐베이션하였다.

[0338] 처리 후, 액체 질소에서의 4회의 냉동-해동 사이클을 사용하여 세포를 용해시켰다. 용해된 세포를 원심분리하고, 50 μ l/ml의 각각의 상청액을 FIRELISA 인간 엘라스틴 ELISA 키트를 사용하여 검정하였다. 모든 단계를 제조사의 설명서에 따라 수행하였다.

[0339] 결과는 미처리 대조군의 백분율로서 계산되었다. 광학 밀도 판독값의 증가는 콜라겐 함량 증가를 가리킨다.

[0340] 결과가 도 101, 103, 105, 107, 108 및 109에서 제시된다.

[0341] 실시예 4 - 엘라스틴 및 세포 증식 검정법

[0342] 표 2. 테스트 물질. 주황색 밴드는 물 대신 DMSO 0.3% 내로 용해된 샘플에 상응한다.

물질	명칭	농도	공급사	성질	인터텍 참조번호	가용성	보관
펩티드 1	E_280_PJ	20 μ M	뉴리타스	펩티드	14-CHL-0723-01	물	-80°C
펩티드 2	I_222two_IN	20 μ M	뉴리타스	펩티드	14-CHL-0723-02	물	주위온도
펩티드 3	E_134_two_IN	20 μ M	뉴리타스	펩티드	14-CHL-0723-03	물	-80°C
펩티드 4	E_30two_IN	20 μ M	뉴리타스	펩티드	14-CHL-0723-04	물	-80°C
펩티드 5	E_121two_IN	20 μ M	뉴리타스	펩티드	14-CHL-0723-05	물	-80°C
펩티드 6	I_10two_IN	20 μ M	뉴리타스	펩티드	14-CHL-0723-06	DMSO 0.3%	-80°C
펩티드 7	I_41two_IN	20 μ M	뉴리타스	펩티드	14-CHL-0723-07	DMSO 0.3%	-80°C
펩티드 8	E_41_PJ	10 μ M*	뉴리타스	펩티드	14-CHL-0723-08	물	-80°C
조성물 P9	E_2_IN	500 μ g/mL	뉴리타스	펩티드들의 조성물	14-CHL-0723-09	물	-80°C
조성물 P10	I_2_IN	500 μ g/mL	뉴리타스	펩티드들의 조성물	14-CHL-0723-10	물	-80°C

[0343]

[0344] 기구

[0345] 인큐베이터, 층류 챔버, 무균성 고광택 플라스틱 막대, 파이펫, 유지 배지, 6웰 플레이트, 24웰 플레이트.

[0346] 시약

[0347] MTT, PBS, SDS, 포름알데히드, 크실렌, 무수 에탄올, 돌베코 포스페이트-완충 염수 (DPBS), 금속-강화 DAB 기질 키트, ABC 퍼옥시다제 염색 키트, 시트르산, 수산화나트륨 2N, 과산화수소 30%, 항-필라그린, 항-토끼 IgG-비오틴, 트윈 20.

[0348] 테스트 시스템

[0349] 성질: 인간 피부 조직 5 mm 직경

[0350] 배치 번호: EXP004050B009 및 EXP004050B011

[0351] 공급사: 바이오프레딕 인터내셔널 연구소(Laboratoire Biopredic International) - 프랑스 35000 렌 뒤 장 페커 8-18. 전화: +33 (0)2.99.14.36.14 - 팩스: +33 (0)2.99.54.44.72.

[0352] 분석 증명서가 부록 1에서 제시된다.

[0353] 2개의 배치가 검정법에 사용된다. 배치 EXP004050B005는 실험 제1일에 사용되고, 배치 EXP004050B006은 실험

제5일에 사용된다.

- [0354] 유지 배지
- [0355] 유지 배지: 배지 번호: MIL 218C
- [0356] 공급사: 바이오프레딕 인터내셔널 연구소 - 프랑스 35000 렌 뒤 장 페커 8-18.
- [0357] 테스트한 펩티드
- [0358] P1: 서열식별번호: 283
- [0359] P2: 서열식별번호: 246
- [0360] P3: 서열식별번호: 284
- [0361] P4: RPYYSNAPQEIF
- [0362] P5: VLLEQQEQEPQH
- [0363] P6: 서열식별번호: 245
- [0364] P7: QQYGIAASPFLQSAA
- [0365] P8: 서열식별번호: 42
- [0366] 테스트한 조성물
- [0367] P9 (14-CHL-0723-09)는 완두 조성물이다 (서열식별번호: 50, 85, 74, 140, 82, 136, 189, 77, 169, 149, 171, 178, 143, 127, 190, 141, 147, 133, 186, 125, 122, 119, 87, 90, 86, 89, 138, 129, 123, 120, 117, 113, 110, 121, 105, 98, 55, 161, 19, 317, 135, 130, 146, 177, 160, 170, 188, 83, 78, 36, 96, 159, 26, 330, 168, 148, 184, 151, 151, 165, 114, 284)
- [0368] P10 (14-CHL-0723-010)은 벼 조성물이다 (서열식별번호: 245, 246, 263, 250, 257, 259, 276, 255, 251, 264, 256, 266, 274, 270, 269, 356, 245, 380, 262, 258, 356, 218, 252, 358, 271, 253, 344, 275, 272, 226, 224, 220, 248, 261, 265, 373, 375, 247, 249, 363, 273, 343, 273, 362)
- [0369] 적용 방법
- [0370] 피부 외식편을 복부 성형 수술로부터 제조하였다. 일부 외식편을 알콜로 탈지시켜, 탈수 피부를 획득하였다.
- [0371] 이러한 외식편들을 바이오프레딕 인터내셔널 공급사가 공급한 유지 배지에서 5일 동안 유지시켰다. 테스트 물품을 1일에 2회 외식편당 5 μ l로 적용하였다.
- [0372] 테스트가 끝날 때, 생육력 대조군을 2개의 외식편 상에서 MTT로 구현하고, 조직학 및 세포 염색을 위해 제3 외식편을 포름알데히드 4%에서 고정시킨다.
- [0373] 각각의 분석 시점 (D1 및 D5)에 대해, 탈지 외식편, 테스트 물품으로 처리된 외식편, DMSO 0.3% 대조군 및 물 대조군 상에서의 조직학을 수행한다.
- [0374] 실험실에서 수령한 후, 유지 배지 내의 각각의 피부 외식편을 5 μ l 알콜로 3시간 동안 탈지시킨다.
- [0375] 3시간 후, 모든 피부 외식편을 1일에 2회 테스트 물품으로 처리하고, 37°C +/-2°C, 5% CO₂에서 1일 또는 5일 동안 인큐베이션한다.
- [0376] 제1일 및 제5일에 생육력 대조군 + MTT로 시스템의 완전성을 구현한다.
- [0377] 면역염색
- [0378] 그레데코(Gredeco) 실험실에 의해 조직학을 구현하고, 엘라스틴 및 Ki67에 대한 면역염색을 동일한 실험실에 의해 구현한다. 필라그린에 대한 면역염색을 인터텍(Intertek) 실험실에 의해 구현한다.
- [0379] 엘라스틴 검출 (토끼 모노클로날 항체, 클론 P15502, 엘에스바이오(LSBio))을 2층 이뮤노퍼옥시다제 기술 (ABC 키트, 벡터 레버러토리즈(Vector Laboratories))을 사용하여 수행하고, AEC (3-아미노-9-에틸카르바졸)에 의해 나타낸다. 탄력 섬유에서의 면역조직학적 염색 강도를 반정량적 조직학 점수를 사용하여 평가한다.

- [0380] 상피 증식을 항-Ki67 항체를 사용하여 면역조직화학에 의해 분석하였다. 면역검출을 간접적 3층 이뮤노옥시다제 기술을 사용하여 수행하고, 증폭시키고 (DAKO 키트), AEC (3-아미노-9-에틸카르바졸)에 의해 나타냈다. 표지된 세포 (표피의 기저층의 각질세포)의 수를 계수하고, 이는 표지된 세포의 %를 계산하도록 기저 세포의 총 개수를 제공한다.
- [0381] 필라그린의 특이적 염색을 이뮤노퍼옥시다제 염색 (ABC 키트, 피셔(Fisher))으로 수행한다. 용매 (물 또는 DMSO 0.3%)의 음성 대조군에 비교하여 표피 내의 면역조직화학 마커의 강도를 평가한다.
- [0382] C: 결과
- [0383] 생육력 대조군
- [0384] 완전성 대조군 및 생육력 대조군이 도 1에서 제시된다. 이러한 대조군들은 검정 시스템을 검증하게 한다. 테스트 물품들에 대해 생육력이 > 50%이고, 테스트에 따르면 이들은 세포독성을 나타내지 않는다.
- [0385] 면역염색
- [0386] 엘라스틴 발현
- [0387] 카테킨으로의 염색에 의해 진피의 탄력 섬유를 나타냈고, 컴퓨터-보조 영상에 의한 분석에 의해 이를 형태계측적으로 정량하였다. 진피 내의 탄력 섬유가 차지하는 백분율 면적을 진피 및 평균 표층 진피에서 계산하였다. 결과가 표 1, 도 2 및 도 3에서 제시된다.
- [0388] **표 3.** 표층 진피 및 중간층 진피 내의 탄력 섬유의 형태계측적 정량 (%). 주황색 밴드는 물 대신 DMSO 0.3% 내로 용해된 샘플에 상응한다.

조건	표층 진피 내의 탄력 섬유의 형태계측적 정량 (%)		중간층 진피 내의 탄력 섬유의 형태계측적 정량 (%)	
	D1	D5	D1	D5
알콜로 탈지되고 물로 수화됨	4.31	4.9	5	5.83
탈수	2.38	7.26	4.39	9.59
<i>EGF (표피 성장 인자) 10ng/mL</i>	<i>3.64</i>	<i>5.61</i>	<i>5.68</i>	<i>6.61</i>
알콜로 탈지되고 DMSO 0.3% 로 수화됨	3.76	7.24	6	10.36
0723.01	4.45	10.21	7.59	10.17
0723.02	6.09	7.59	11.75	9.08
0723.03	3	11.68	4.9	9
0723.04	3.28	8.94	5.22	9
0723.05	6.34	6.26	8.8	6.61
0723.06	3.8	4.03	4.54	8.67
0723.07	4	5.15	6.46	5.33
0723.08	2.7	5.32	3.52	7.27
0723.09	3.26	8.26	5.75	7.92
0723.10	4.1	8	5.73	8.34

- [0389]
- [0390] 이러한 연구의 실험 조건 하에, 0723-1 및 0723-3 샘플이 D5에 물 대조군에 비교하여 표층 진피 내의 탄력 섬유의 2배 만큼의 증가를 나타내고 (도), 물 대조군에 비교하여 중간층 진피에서의 증가를 나타낸다.
- [0391] 0723-2 샘플은 물 대조군에 비교하여 제1일에 중간층 진피에서 2배 증가를 나타내고, 제5일에 증가를 나타낸다.

[0392] *Ki67* 발현

[0393] *Ki67*의 면역조직화학적 분석의 결과가 표에서 보고되고, 표피의 기저층에서 표지된 것의 %로 표현된다. 도면은 음성 대조군 (물 또는 DMSO)에 비교하여 *Ki 67* 세포의 백분율을 나타낸다. 유사분열 활성의 면역조직화학적 분석이 각각의 분석된 조건에 대한 평균을 상기시키면서 부록 4에서 제시된다.

[0394] **표 4.** 표피의 기저층 내의 *Ki67* 양성 세포의 %. 주황색 밴드는 물 대신 DMSO 0.3% 내로 용해된 샘플에 상응한다.

조건	D1	D5
알콜로 탈지되고 물로 수화됨	19.09	3.53
탈수	17.05	1.76
EGF (표피 성장 인자) 10ng/mL	25.11	4.2
알콜로 탈지되고 DMSO 0.3%로 수화됨	17.2	2.61
0723.01	18.57	3.92
0723.02	19.61	6.73
0723.03	22.01	10.04
0723.04	14.97	11.36
0723.05	9.48	3.08
0723.06	31.97	5.04
0723.07	22.22	5.26
0723.08	27.83	5.72
0723.09	31.02	2.4
0723.10	31.94	3.57

[0395]

[0396] 이러한 연구의 실험 조건 하에, 테스트 물품 0723-06, 0723-08, 0723-09 및 0723-010이 제1일의 EGF에 비교하여 유사분열 세포의 개수의 증가를 나타낸다. 모든 분석된 조건에 대해 제1일에 비교하여 제5일에 유사분열 지수의 감소가 관찰되었다.

[0397] 제5일의 이러한 세포 염색의 감소는 모델에 의해 야기된다. 실제로, 약 3일 후, 이러한 모델에서 세포 전환이 고갈된다.

[0398] 본 발명은 상기 기술된 실시양태들에 제한되지 않고, 이들은 본 발명의 취지를 벗어나지 않으면서 구조 및 세부 사항이 변할 수 있다.

서열

단백질 : P13918 - 2 - 완두
MAATTMKASFLLMLMGISFLASVCSSRSDPQNPFFIKSNKFQTLFENENGHIRLLQKFDQRSKIFENLQNYRLLEYKSKPHTIFLPQHTDADYI
LVVLSGKAILTVLKPDDRNSFNLERGDTIKLPAGTIAYLVRDDNEELRVLDLAIPVNRPGQLQSFLLSGNQNNQNYLSGFSKNILEASFNTDYEE
IEKVLLEEHKEKETQHRRSLKDKRQSQSEENVIVKLSRGQIEELSKNAKSTSKSVSSESEPFNLSRGPIYSNEFGKFEITPEKNPQLQLDIFVNS
VEIKEGSLLLPHYNSRAIVIVTVNEGKGFELVQGRNENQEQQRKEDDEEEQGEIEINKQVQNYKAKLSSGDFVFIAGHPVAVKASSNLDLL
GFGINAENNQRNFLAGDEDNVISQIQRPVKELAFPGSAQEVDRILENQKQSHFADAQPQQRERGSRETRDRLSSV [SEQ ID 1]

- 웹사이트 : QNYLSGFSKNILE [SEQ ID 15]
- 웹사이트 : TIKLPAGTIAYLVRDDNEE [SEQ ID 16]
- 웹사이트 : LAIPVNRPGQLQSF [SEQ ID 17]
- 웹사이트 : AIPVNRPGQLQ [SEQ ID 18]
- 웹사이트 : PAGHPVAVK [SEQ ID 19]
- 웹사이트 : VQNYKAKLSSGDFVIPAG [SEQ ID 20]
- 웹사이트 : NNQRNFLAGDEDNVISQIQRPVKE [SEQ ID 21]
- 웹사이트 : INKQVQNYKAKLSSGDFVIPAG [SEQ ID 22]
- 웹사이트 : LAIPVNRPGQ [SEQ ID 23]
- 웹사이트 : NFLAGDEDNVISQIQRPVKE [SEQ ID 24]
- 웹사이트 : DLAIPVNRPGQLQSF [SEQ ID 25]
- 웹사이트 : VIPAGHPVAVK [SEQ ID 26]
- 웹사이트 : DTIKLPAGTIAYLVRDDNEE [SEQ ID 27]
- 웹사이트 : LAIPVNRPGQLQSF [SEQ ID 28]
- 웹사이트 : KQVQNYKAKLSSGDFVIPAG [SEQ ID 29]
- 웹사이트 : RGDTIKLPAGTIAYLVRDDNEE [SEQ ID 30]
- 웹사이트 : FLAGDEDNVISQIQRPVKE [SEQ ID 31]
- 웹사이트 : LAIPVNRPGQLQS [SEQ ID 32]
- 웹사이트 : VLDLAIPVNRPGQLQ [SEQ ID 33]
- 웹사이트 : DLAIPVNRPGQLQ [SEQ ID 34]
- 웹사이트 : VFVIPAGHPVAVK [SEQ ID 35]
- 웹사이트 : TIFLPQHTDADYILVVLSGK [SEQ ID 36]
- 웹사이트 : NQRNFLAGDEDNVISQIQRPVKE [SEQ ID 37]
- 웹사이트 : LAIPVNRPGQLQ [SEQ ID 38]
- 웹사이트 : HPVAVKASSNLDLLGFG [SEQ ID 39]
- 웹사이트 : LAIPVNRPGQL [SEQ ID 40]
- 웹사이트 : DLAIPVNRPGQL [SEQ ID 41]
- 웹사이트 : SKPHTIFLPQHTDADYILVVLSGK [SEQ ID 42]
- 웹사이트 : FVIPAGHPVAVK [SEQ ID 43]
- 웹사이트 : DLAIPVNRPGQLQS [SEQ ID 44]
- 웹사이트 : SGDFVIPAGHPVAVKASSNLD [SEQ ID 45]
- 웹사이트 : AIPVNRPGQLQSF [SEQ ID 46]
- 웹사이트 : ELAFPGSAQEVDR [SEQ ID 47]
- 웹사이트 : LAIPVNRPGQLQSFLLSG [SEQ ID 48]
- 웹사이트 : VFVIPAGHPVAVKASSNLDLLGFG [SEQ ID 49]
- 웹사이트 : AGHPVAVK [SEQ ID 50]
- 웹사이트 : HPVAVKASSNLDLLGFGINAE [SEQ ID 51]
- 웹사이트 : LAIPVNRPGQLQSFLLSGNQNNQ [SEQ ID 52]
- 웹사이트 : SGDFVIPAG [SEQ ID 53]
- 웹사이트 : GSLLLPHYNSRAIVIVTVNE [SEQ ID 54]
- 웹사이트 : NFLAGDEDNVISQIQRPVKE [SEQ ID 55]
- 웹사이트 : SGDFVIPAGHPVA [SEQ ID 56]
- 웹사이트 : GSLLLPHYNSRAIVIV [SEQ ID 57]
- 웹사이트 : RGDTIKLPAGTIAYLVRDD [SEQ ID 58]
- 웹사이트 : SGDFVIPAGHPVAVK [SEQ ID 59]
- 웹사이트 : LSSGDFVIPAGHPVAVK [SEQ ID 60]
- 웹사이트 : LDLAIPVNRPGQL [SEQ ID 61]
- 웹사이트 : AIPVNRPGQL [SEQ ID 62]
- 웹사이트 : LAIPVNRPGQLQSFLL [SEQ ID 63]
- 웹사이트 : PHTIFLPQHTDADYILVVLSGK [SEQ ID 64]

[0399]

웹터드 : VFVIPAGHPVAVKASSNLD [SEQ ID 65]
웹터드 : LAIPVNRPGQLQSFLLS [SEQ ID 66]
웹터드 : VLDLAIPVNRPGQLQSF [SEQ ID 67]
웹터드 : AIPVNRPGQLQS [SEQ ID 68]
웹터드 : DTIKLPAGTIAYLVNRDDNE [SEQ ID 69]
웹터드 : NYKAKLSSGDFVIPAG [SEQ ID 70]
웹터드 : GKAILTVLKPDDRNSFNLE [SEQ ID 71]
웹터드 : YKSKPHTIFLPQHTDAD [SEQ ID 72]
웹터드 : ASSNLDLLGFG [SEQ ID 73]
웹터드 : DEEEEQGEEIINK [SEQ ID 74]
웹터드 : YKSKPHTIFLPQHTD [SEQ ID 75]
웹터드 : VLDLAIPVNR [SEQ ID 76]
웹터드 : FFEITPEKNPQLQDLDFVNSVEIK [SEQ ID 77]
웹터드 : TIFLPQHTDADYIL [SEQ ID 78]
웹터드 : SFLLSGNQNNYLSG [SEQ ID 79]
웹터드 : SFLLSGNQNNYLSGFS [SEQ ID 80]
웹터드 : NQEQRKEDDEEEQGE [SEQ ID 81]
웹터드 : EEQGEIINK [SEQ ID 82]
웹터드 : SRGPIYSNE [SEQ ID 83]
웹터드 : EDDEEEQGEIINK [SEQ ID 84]
웹터드 : DDEEEQGEIINK [SEQ ID 85]
웹터드 : KEDDEEEQGEIINK [SEQ ID 86]
웹터드 : KEDDEEEQGE [SEQ ID 87]
웹터드 : QRKEDDEEEQGE [SEQ ID 88]
웹터드 : KEDDEEEQGEIINK [SEQ ID 89]
웹터드 : KEDDEEEQGE [SEQ ID 90]

단백질 : Q9M3X6 - 3 - 완두

MATTIKSRFPLLLLLGIFLASVVCVTYANYDEGSEPRVPAQRERGRQEGEKEEKRHGEWRPSYEKEDEEEQQRERGRQEGEKEEKRHGEWR
PSYEKQDEEEQKYRYQREKEDEEKQKYQYQREKKEQKEVQPGRRERWEREEDEEQVDEEWRGSQRREDPEERARLRHREERTKDRRRHQ
REGEEERSSESQERRNPFLFSNKLTLFENENGHIRLLQRFDKRSDFENLQNYRLVEYRAKPHTIFLPQHIDADLILVLSGKAILTVLSPNDR
NSYNLERGDTIKLPAGITTSYLVNQDDEEDLRLVDLVIPVNGPGKFEAFDLAKNKNQYLRGFSKNILEASYNTRYETIEKVLLEEQEKDRKRRQQG
EETDAIVKVSREQIEELKKLAKSSSKSLPSEFEPINLRSHKPEYSNKFGLFEITPEKKYPQLQDLDFVSCVEINEGALMLPHYNSRAIVLLVNEG
KGNLELLGLKNEQQUERDRKERNNEVQRYEARLSPGDVVIIPAGHPVAITASSNLLGFGINAENNERNFLSGSDDNVISQIENPVKELTFPGS
VQEINRLIKNQKQSHFANAPEQKEQGSQGRSPSLSLGTFFY [SEQ ID 2]

웹터드 : HPVAITASSNLLG [SEQ ID 91]
웹터드 : ASSNLLGFG [SEQ ID 92]
웹터드 : ITASSNLLGFG [SEQ ID 93]
웹터드 : ITASSNLLGFGINAE [SEQ ID 94]
웹터드 : SSNLLGFG [SEQ ID 95]
웹터드 : VDLVIPVNGPGKF [SEQ ID 96]
웹터드 : LVIPVNGPGKF [SEQ ID 97]
웹터드 : LVIPVNGPGKFEA [SEQ ID 98]
웹터드 : LRLVDLVIPVNGPGKF [SEQ ID 99]
웹터드 : YRAKPHTIFLPQHIDAD [SEQ ID 100]
웹터드 : HPVAITASSNLLGFGINAE [SEQ ID 101]
웹터드 : SNLNLGFG [SEQ ID 102]
웹터드 : HPVAITASSNLLGFGINAENNE [SEQ ID 103]
웹터드 : LVDLVIPVNGPGKF [SEQ ID 104]
웹터드 : LVIPVNGPGKF [SEQ ID 105]
웹터드 : TIKLPAGTTSYLVNQDDE [SEQ ID 106]
웹터드 : DLRLVDLVIPVNGPGKF [SEQ ID 107]
웹터드 : EDLRLVDLVIPVNGPGKF [SEQ ID 108]
웹터드 : HPVAITASSNLLGFG [SEQ ID 109]
웹터드 : LVDLVIPVNGPGKFEAFDLAK [SEQ ID 110]
웹터드 : DNVISQIENPVKE [SEQ ID 111]
웹터드 : VVIIPAGHPVAITASSNLLGFG [SEQ ID 112]
웹터드 : LVDLVIPVNGPGKFEAF [SEQ ID 113]
웹터드 : YPQLQDL [SEQ ID 114]

[0400]

웹터드 : VIPVNGPGKF[SEQ ID 115]
 웹터드 : SKKSLPSE[SEQ ID 116]
 웹터드 : LPQHIDADLILVVLGK[SEQ ID 117]
 웹터드 : RGDITKLPAGTTSYLVNQD[SEQ ID 118]
 웹터드 : IPVNGPGKF[SEQ ID 119]
 웹터드 : LPQHIDADL[SEQ ID 120]
 웹터드 : LVIPVNGPGK[SEQ ID 121]
 웹터드 : IFLPQHIDAD[SEQ ID 122]
 웹터드 : LPQHIDAD[SEQ ID 123]
 웹터드 : VIPVNGPGK[SEQ ID 124]
 웹터드 : IFLPQHIDA[SEQ ID 125]
 웹터드 : TIKLPAGTTSYLVNQDDEE[SEQ ID 126]
 웹터드 : HGEWRPSYEKEEDEEGQRER[SEQ ID 127]
 웹터드 : EKRHGEWRPSYEKEEDEEGQRE[SEQ ID 128]
 웹터드 : LPAGTTSYLVNQDDEEDLR[SEQ ID 129]
 웹터드 : PSYEKEEDEEGQRER[SEQ ID 130]
 웹터드 : EKRHGEWRPSYE[SEQ ID 131]
 웹터드 : TIKLPAGTTSYLVNQDDEED[SEQ ID 132]
 웹터드 : HGEWRPSYEKQEDEEEK[SEQ ID 133]
 웹터드 : EWRPSYEKEDEEE[SEQ ID 134]
 웹터드 : PSYEKEEDEEGQR[SEQ ID 135]
 웹터드 : EKEEDEEGQR[SEQ ID 136]
 웹터드 : EWRPSYEKEEDEEGQRE[SEQ ID 137]
 웹터드 : KEEDEEGQR[SEQ ID 138]
 웹터드 : VQPGRERWEREDEEQVDE[SEQ ID 139]
 웹터드 : DVVIIPAGHPVA[SEQ ID 140]
 웹터드 : HGEWRPSYEKQEDE[SEQ ID 141]
 웹터드 : EEDEEGQR[SEQ ID 142]
 웹터드 : HGEWRPSYEKEEDEEGQR[SEQ ID 143]
 웹터드 : EEWGRSQRREDPEE[SEQ ID 144]
 웹터드 : REEDEEQVDEEWGRSQRREDPEE[SEQ ID 145]
 웹터드 : RHGEWRPSY[SEQ ID 146]
 웹터드 : HGEWRPSYEKQEDEE[SEQ ID 147]
 웹터드 : VVIIPAGHPVA[SEQ ID 148]
 웹터드 : HGEWRPSYE[SEQ ID 149]
 웹터드 : KEEDEEGQRER[SEQ ID 150]
 웹터드 : VVIIPAGHPVAIT[SEQ ID 151]
 웹터드 : EKRHGEWRPSYEKEDE[SEQ ID 152]
 웹터드 : QVDEEWGRSQRREDPEE[SEQ ID 153]
 웹터드 : GDTIKLPAGTTSYLVNQDDEEDLR[SEQ ID 154]
 웹터드 : GSEPRVPAQRE[SEQ ID 155]
 웹터드 : EEKRHGEWRPSYEKE[SEQ ID 156]
 웹터드 : EWRPSYEKEDEE[SEQ ID 157]
 웹터드 : NYDEGSEPRVPAQRE[SEQ ID 158]
 웹터드 : VIIPAGHPVAIT[SEQ ID 159]
 웹터드 : RHGEWRPSYEK[SEQ ID 160]
 웹터드 : NYDEGSEPR[SEQ ID 161]
 웹터드 : WRPSYEKEDEE[SEQ ID 162]
 웹터드 : WRPSYEKQEDEEE[SEQ ID 163]
 웹터드 : EKRHGEWRPSYEKQEDEEE[SEQ ID 164]
 웹터드 : VVIIPAGHPVAITA[SEQ ID 165]
 웹터드 : KRHGEWRPSYE[SEQ ID 166]
 웹터드 : GSDDNVISQIENPVKE[SEQ ID 167]
 웹터드 : VVIIPAGHPV[SEQ ID 168]
 웹터드 : HGEWRPSY[SEQ ID 169]
 웹터드 : RPSYEKEEDEEGQR[SEQ ID 170]
 웹터드 : HGEWRPSYEK[SEQ ID 171]
 웹터드 : KRHGEWRPSYEKEE[SEQ ID 172]
 웹터드 : VVIIPAGHPVAITAS[SEQ ID 173]
 웹터드 : RGDITKLPAGTTSYLVNQDDEED[SEQ ID 174]
 웹터드 : KRHGEWRPSYEKQEDEEE[SEQ ID 175]

맵터드 : DEEQVDEEWRGSQRREDPEE[SEQ ID 176]
 맵터드 : RHGEWRPSYE[SEQ ID 177]
 맵터드 : HGEWRPSYEKE[SEQ ID 178]
 맵터드 : KRHGEWRPSYEKEEED[SEQ ID 179]
 맵터드 : EKRHGEWRPSYEKEEED[SEQ ID 180]
 맵터드 : TIKLPAGTTSYLVNQDDEEDLRLVD[SEQ ID 181]
 맵터드 : WRPSYEKEEED[SEQ ID 182]
 맵터드 : KRHGEWRPSYEKEEED[SEQ ID 183]
 맵터드 : VVIIPAGHPVAI[SEQ ID 184]
 맵터드 : EWRGSQRREDPEE[SEQ ID 185]
 맵터드 : HGEWRPSYEKEEED[SEQ ID 186]
 맵터드 : SGSDDNVISQIENPVKE[SEQ ID 187]
 맵터드 : RPSYEKEEED[SEQ ID 188]
 맵터드 : EKEEED[SEQ ID 189]
 맵터드 : HGEWRPSYEKQ[SEQ ID 190]
 맵터드 : WRPSYEKEEED[SEQ ID 191]
 맵터드 : LAKNKNQYLRGFS[SEQ ID 192]
 맵터드 : NKNQYLRGFS[SEQ ID 193]
 맵터드 : LRGFSKNILE[SEQ ID 194]
 맵터드 : LAKNKNQYLRGFSKN[SEQ ID 195]
 맵터드 : TVLSPNDRNSY[SEQ ID 196]
 맵터드 : QYLRGFSKNILE[SEQ ID 197]
 맵터드 : GKAILTVLSPNDRNSYNLE[SEQ ID 198]
 맵터드 : RGFKNILE[SEQ ID 199]
 맵터드 : NKNQYLRGFSKNILE[SEQ ID 200]
 맵터드 : ASSNLNLLGFGINAE[SEQ ID 201]
 맵터드 : ASSNLNLLGF[SEQ ID 202]
 맵터드 : LAKNKNQYLRGFSK[SEQ ID 203]
 맵터드 : RGDITIKLPAGTTSYLVNQDDEE[SEQ ID 204]
 맵터드 : ARLSPGDVVIIPAGHPVAITASSN[SEQ ID 205]
 맵터드 : VQRYEARLSPGD[SEQ ID 206]
 맵터드 : ARLSPGDVVIIPAGHPVAIT[SEQ ID 207]
 맵터드 : RGDITIKLPAGTTSYLVNQDDE[SEQ ID 208]
 맵터드 : ARLSPGDVVIIPAGHPVA[SEQ ID 209]
 맵터드 : GALMLPHYNSRAIVLLVNE[SEQ ID 210]
 맵터드 : ARLSPGDVVIIPAGHPVAITASS[SEQ ID 211]
 맵터드 : LSPGDVVIIPAGHPVAITASSNLNLLGFGINAENNER[SEQ ID 212]
 맵터드 : ARLSPGDVVIIPAGHPVAITAS[SEQ ID 213]
 맵터드 : LSPGDVVIIPAGHPVAITASSNL[SEQ ID 214]
 맵터드 : ARLSPGDVVIIPAGHPVAITA[SEQ ID 215]

단백질 : Q0DEV5 - 5 - 버

MSALTTSQLATSATGFGIADRSAPSSLLRHGFGQLKPRSPAGGDATSLSVTTSARATPKQQRSVQRGSRFRFVSVVYATGAGMNVFVGAEM
 APWSKTGGLGDLVGLPAMAANGHRVMVISPRYDQYKDAWDTSVVAEIKVADRYERVFFHCYKRGVDRVFIDHPSFLEKVVWGTGKEIY
 GPDGTGVDYKDNQMRFSLLCQAALAPRILNLNPNPYFKGTYGEDVVFVNDWHTGPLASYLKNNYQPNGIYRNAKVAFCIHNSISYQGRFAFE
 DYPELNLSERFRSSFDIDGYDTPVEGRKINWMKAGILEADRVLTSPYAEELISGIARGCELDNIMRLTGITGIVNGMDVSEWDPSKDKYITA
 KYDATTAEAKALNKEALQAEAGLPVDRKIPLIAFIGRLEEQKGPDMVMAAAIPELMQEDVQIVLLGTGKKKFEKLLKSMEEKYPGKVRVAVKFNA
 PLAHLIMAGADVLAAPSFRFPCGLIQLQGMRYGTPCACASTGGLVDTVIEGKTGFHMGRLSVDCKVVEPSDVYKKAATLKRAIKVVGTPAYEE
 MVRNCNMNQDLSWKGPAKNWENVLLGLGVAGSAPGIEGDEIAPLAKENVAAP [SEQ ID 3]

맵터드 : NWENVLLGLGVAGSAPGIEGDEIAPLAK[SEQ ID 216]
 맵터드 : YDQYKDAWDTSVVAEIK[SEQ ID 217]
 맵터드 : SSFDFIDGYDTPVEGR[SEQ ID 218]
 맵터드 : GPDGTGVDYKDNQM[SEQ ID 219]
 맵터드 : ILNLNPNPYFK[SEQ ID 220]
 맵터드 : VVGTPAYEE[SEQ ID 221]
 맵터드 : IDGYDTPVEGR[SEQ ID 222]
 맵터드 : VVGTPAYE[SEQ ID 223]
 맵터드 : IYGPDTGVDYK[SEQ ID 224]
 맵터드 : VAGSAPGIEGDE[SEQ ID 225]

[0402]

웹터드 : IYGPDTGVDYKDNQMR[SEQ ID 226]
웹터드 : VVGTPAYEEMVR[SEQ ID 227]
웹터드 : DFIDGYDTPVEGR[SEQ ID 228]
웹터드 : LGLGVAGSAPGIEGDEIAPLAK[SEQ ID 229]
웹터드 : FNAPLAHLIMAGADVLAVPSR[SEQ ID 230]
웹터드 : LGLGVAGSAPGIEGDE[SEQ ID 231]
웹터드 : LGLGVAGSAPGIEGDEIAPL[SEQ ID 232]
웹터드 : VLTVSPYYAEELISGIAR[SEQ ID 233]
웹터드 : EALQAEAGLPVDR[SEQ ID 234]
웹터드 : LGLGVAGSAPGIEGD[SEQ ID 235]
웹터드 : IMAGADVLAVPSR[SEQ ID 236]
웹터드 : GLGVAGSAPGIEGDE[SEQ ID 237]
웹터드 : EALQAEAGLPVDRK[SEQ ID 238]
웹터드 : TGGLGDVLGGLPPAMAANGHR[SEQ ID 239]
웹터드 : LEEQKGPDMVA[SEQ ID 240]
웹터드 : LGVAGSAPGIEGDEIAPLAK[SEQ ID 241]
웹터드 : GLGVAGSAPGIEGDEIAPLAK[SEQ ID 242]
웹터드 : TGGLGDVLGGLPPAM[SEQ ID 243]
웹터드 : NVLLGLGVAGSAPGIEGDE[SEQ ID 244]

단백질 : P14323 - 6 - 베타
MASSVFSRFYFCVLLCHGSMQAFLNPSTNPWHSRQGSFRECRFDRLQAFEPLRKVRSEAGVTEYFDEKNELFQCTGTFVIRRVIQPQGLL
VPRYTNIPIGVVYIIQGRGSMGLTFPGCPATYQQQFQFSSQGQSQSKFRDEHQKIHQFRQGDIVLPAGVAHWFYNDGDAPIVAVVYVDV
NNNANQLEPRQKEFLLAGNNNRAQQQVYQSSIEQHSQGNIFSGFVEMLSEALGINAVAAKRLQSQNDQRGEEIHHVKNGLQLLKPTLTQQ
QEQAQAQDQYQVQYSERQQTSSRWNGLEENFCTIKVRVNIENPSRADSYNPRAGRITSVNSQKFPILNLIQMSATRNVNLYQNAILSPFVWV
NAHSLVYMIQGRSRVQVVSFNGKTVFDGVLPRGQLLIIPQHYAVLKKAEREGCQYIAIKTNANAFVSHLAGKNSVFRALPVDVVANAYRISRE
QARSLKNNRGEEHGAFTPRFQQQYYPGLSNESESETSE [SEQ ID 4]

웹터드 : TVFDGVLPRGQL[SEQ ID 245]
웹터드 : RLQSQNDQRGEEIHHVK[SEQ ID 246]

단백질 : P29835 - 5 - 베타
MASKVVFFAAALMAAMVAISGAQLSESEMRFRDRQCQREVQDSPLDACRQVLDRLQTLTGRERFQPMFRRPGALGLRMQCCQQLQDVRSRE
CRCAAIRRMVRSYEESEMPMPLEQGWSSSSSEYGGEGSSSEQGYGEGSSEEGYGEQQQPGMTRVRLTRARQYAAQLPSMCRVPEPQQC
SIFAAGQY [SEQ ID 5]

웹터드 : EGYGGEQQQPGMTR[SEQ ID 247]
웹터드 : GYGEQQQPGMTR[SEQ ID 248]
웹터드 : EEGYGEQQQPGMTR[SEQ ID 249]
웹터드 : YGGEGSSEQGYGEGSSE[SEQ ID 250]
웹터드 : YGGEGSSEQGYGEGSSE[SEQ ID 251]
웹터드 : SSEEGYGEQQQPGMTR[SEQ ID 252]
웹터드 : SEEGYGEQQQPGMTR[SEQ ID 253]
웹터드 : QGYGEGSSEE[SEQ ID 254]
웹터드 : YGGEGSSEQGYGEGSSEEGY[SEQ ID 255]
웹터드 : YGEQQQPGMTR[SEQ ID 256]
웹터드 : YGEQQQPGMTR[SEQ ID 257]
웹터드 : SYEESMPMPLEQGWSSSSSE[SEQ ID 258]
웹터드 : YGEGSSEEGYGEQQQPGMTR[SEQ ID 259]
웹터드 : QQQPGMTRV[SEQ ID 260]
웹터드 : GEQQQPGMTR[SEQ ID 261]
웹터드 : SYEESMPMPLEQGWSSSSSEY[SEQ ID 262]
웹터드 : YGGEGSSEQGYGEGSSEEGY[SEQ ID 263]
웹터드 : YGEQQQPGMTRVR[SEQ ID 264]
웹터드 : GEGSSEEGYGEQQQPGMTR[SEQ ID 265]
웹터드 : YGEGSSEEGYGEQQQPGMTR[SEQ ID 266]
웹터드 : QQQPGMTRVR[SEQ ID 267]
웹터드 : QYAAQLPSMCRVPEPQQCSIFAAGQY[SEQ ID 268]

맵터드 : LAGTSSVINNLPLDVVAATF[SEQ ID 287]
 맵터드 : FREGDIIAVPTGIVFW[SEQ ID 288]
 맵터드 : GTSSVINNLPLDVVAATFNLQRNE[SEQ ID 289]
 맵터드 : KGAIVKVKGGLSIISPPE[SEQ ID 290]
 맵터드 : RLAGTSSVINNLPLD[SEQ ID 291]
 맵터드 : AGTSSVINNLPLDVVAATFNLQRNE[SEQ ID 292]
 맵터드 : AGTSSVINNLPL[SEQ ID 293]
 맵터드 : LAGTSSVINNLPLDVVA[SEQ ID 294]
 맵터드 : AGTSSVINNLPLDV[SEQ ID 295]
 맵터드 : AGRIKTVTSLDLPVLRW[SEQ ID 296]
 맵터드 : AGRIKTVTSLDLPVLR[SEQ ID 297]
 맵터드 : FREGDIIAVPTGIVF[SEQ ID 298]
 맵터드 : AGTSSVINNLPLD[SEQ ID 299]
 맵터드 : LAGTSSVINNLPL[SEQ ID 300]
 맵터드 : LAGTSSVINNLPLDVV[SEQ ID 301]
 맵터드 : EGDIIAVPTGIVF[SEQ ID 302]
 맵터드 : LAGTSSVINNLPLDV[SEQ ID 303]
 맵터드 : AGRALVTPQNYAVAAKSLSD[SEQ ID 304]
 맵터드 : AGRALVTPQNYA[SEQ ID 305]
 맵터드 : LAGTSSVINNLPLD[SEQ ID 306]
 맵터드 : RAGIARLAGTSSVINNLPLDVVA[SEQ ID 307]

단백질 : P02855 - 4 - 원두

DNAEIEKILLEHEKETHHRRGLRDKRQQSQEKENVIVKSKKQIEELSKNAKSSSKSVSSRSEPFNLKSSDPIYSNQYKGFFEITPKKNPQLQDL
 IFVNYVEIKEGSLWLPHYNSRAIVIVTVNEGKGFELVGQRNENQQGLREEDDEEEEQREEETKNQVQSYKAKLTPGDVFVIPAGHPVAVRAS
 SNLNLGFGINAENNRNFLAGEEEDNVISQIQKQVKDLTFPGSAQEVDRLLLENQKQSYFANAQPQQRETRRSQEIKHEHLSILGAF [SEQ ID 9]

맵터드 : RASSNLNLGFGINAE[SEQ ID 308]
 맵터드 : VTVNEGKGFEL[SEQ ID 309]
 맵터드 : VRASSNLNLGFGINAE[SEQ ID 310]
 맵터드 : VRASSNLNLGFG[SEQ ID 311]
 맵터드 : HPVAVRASSNLNLGFG[SEQ ID 312]
 맵터드 : TKNQVQSYKAKLTPGD[SEQ ID 313]
 맵터드 : HPVAVRASSNLNLG[SEQ ID 314]
 맵터드 : KAKLTPGDVFVIPAG[SEQ ID 315]
 맵터드 : DLTFPGSAQEVDRLLLENQK[SEQ ID 316]
 맵터드 : PAGHPVAVR[SEQ ID 317]
 맵터드 : AKLTPGDVFVIPAGHPVA[SEQ ID 318]
 맵터드 : SYKAKLTPGDVFVIPAGHPVA[SEQ ID 319]
 맵터드 : LTPGDVFVIPAGHPVAVR[SEQ ID 320]
 맵터드 : VQSYKAKLTPGDVFVIPAG[SEQ ID 321]
 맵터드 : YKAKLTPGDVFVIPAGHPVA[SEQ ID 322]
 맵터드 : FVIPAGHPVAVR[SEQ ID 323]
 맵터드 : YKAKLTPGDVFVIPAG[SEQ ID 324]
 맵터드 : DLTFPGSAQEVDR[SEQ ID 325]
 맵터드 : AKLTPGDVFVIPAGHPVAVR[SEQ ID 326]
 맵터드 : LTPGDVFVIPAG[SEQ ID 327]
 맵터드 : SYKAKLTPGDVFVIPAG[SEQ ID 328]
 맵터드 : SYKAKLTPGDVFVIPAGHPVAVR[SEQ ID 329]
 맵터드 : VIPAGHPVAVR[SEQ ID 330]
 맵터드 : QVQSYKAKLTPGDVFVIPAG[SEQ ID 331]
 맵터드 : AKLTPGDVFVIPAG[SEQ ID 332]
 맵터드 : HPVAVRASSNLNLGFGINAE[SEQ ID 333]
 맵터드 : YKAKLTPGDVFVIPAGHPVAVR[SEQ ID 334]
 맵터드 : TKNQVQSYKAKLTPGDVFVIPAG[SEQ ID 335]
 맵터드 : PFNLKSSDPIYS[SEQ ID 336]
 맵터드 : IEKILLEE[SEQ ID 337]
 맵터드 : SRSEPFNLKSSDPIYS[SEQ ID 338]
 맵터드 : HPVAVRASSNLNL[SEQ ID 339]

단백질 : D3VNE1 - 5 - 완두
MAATPIKPLMLLAIASVCVSSRSQDENPFIFKSNRFQTLYENENGHIRLLQKFDRSKIFENLQNYRLLEYKSKPRTLFLPQYTDADFILVVLSG
KATLTVLKSNDRNSFNLERGDTIKLPAGTIAYLANRDDNEDLRVLDLTIPIVKNKPGQLQSFLLSGTQNPQLLSGFSKNILEAAFTNTYEEIEKVLE
QQEQEPQHRRSLKDRRQEINEENVIVKVSREQIEELSKNAKSSSKSVSSGSPFNLSRNPYISNFKGKFEITPEKNQQLQDLDFVNSVDIKE
GSLLLPNYNSRAIVIVTVTEGKDFELVQGRNENQKGKENDKEEQEEETSKQVQLYRAKLSPGDVFVIPAGHPVAINASSDLNLIGFGINAENN
ERNFLAGEEDNVISQVERPVKELAPFGSSHEVDRLLNKQKQSYFANAQPLQRE [SEQ ID 10]

펩티드 : TLFLLPQYTDADFILVVLSSGK[SEQ ID 340]

단백질 : P07728 - 1 - 벼
MASINRPVFFTVCLFLCNGSLAQQLLGQSTSQWQSSRRGSPRECRFRLQAFEPISVRSQAGTTEFFDVSNEQFQCTGVSVVRRVIEPRGL
LLPHYTNAGSLVYIIQGRGITGPTFPGPCPEYQQFQQSGQAQLTESQSQSKFKDEHQIHRFRQGDVIALPAGVAHWCYNDGEVPPVVAIY
VTDLNNGANQLDPRQRDFLLAGNKRNPQAYRREVEERSQNIFSGFSTELLSEALGVSSQVARQLQCQNDQRGEIVRVEHGLSLLQPYASLQE
QEQQGQVQSREYQEGGYQQSQYSGSGCSNGLDETFTCLRVQRNIDNPNRADTYNPRAGRVTNLNTQNFILSLVQMSAVKVNLYQNALLSP
FWNINAHSVVYITQGRARVQVNNNGKTVFNGLRRGQLLIIPQHYAVVKKAQREGCAYIAFKTNPNSMVSHIAGKSSIFRALPNDVLANAY
RISREEAQRLLKHNRGDEFGAFTPIQYKSYQDVYNAEAESS [SEQ ID 11]

펩티드 : EVEERSQNIF[SEQ ID 341]
펩티드 : VEERSQNIFSGF[SEQ ID 342]
펩티드 : ASLQEQEQGQVQ[SEQ ID 343]
펩티드 : QEQQEQGQVQSR[SEQ ID 344]
펩티드 : ASLQEQEQGQVQSR[SEQ ID 345]
펩티드 : EVEERSQNIFSGF[SEQ ID 346]
펩티드 : VTDLNNGANQLDPRQRD[SEQ ID 347]
펩티드 : VEHGLSLLQPYASL[SEQ ID 348]
펩티드 : IYVTDLNNGANQLDPRQRDFL[SEQ ID 349]
펩티드 : VTDLNNGANQLDPRQRDFL[SEQ ID 350]
펩티드 : VEHGLSLLQPYASLQEQQGQVQSR[SEQ ID 351]
펩티드 : VTDLNNGANQLDPR[SEQ ID 352]
펩티드 : IYVTDLNNGANQLDPRQRD[SEQ ID 353]
펩티드 : YVTDLNNGANQLDPRQRDFL[SEQ ID 354]
펩티드 : YVTDLNNGANQLDPR[SEQ ID 355]
펩티드 : STELLSEALGVSSQVAR[SEQ ID 356]
펩티드 : HGLSLLQPYASLQEQQE[SEQ ID 357]
펩티드 : SGFSTELLSEALGVSSQVAR[SEQ ID 358]

단백질 : P07730 - 2 - 벼
MASINRPVFFTVCLFLCDGSLAQQLLGQSTSQWQSSRRGSPRGCRFRLQAFEPISVRSQAGTTEFFDVSNELFQCTGVSVVRRVIEPRGLL
LPHYTNAGSLVYIIQGRGITGPTFPGPCPETYQQFQQSGQAQLTESQSQSHKFKDEHQIHRFRQGDVIALPAGVAHWCYNDGEVPPVVAIYV
TDINNGANQLDPRQRDFLLAGNKRNPQAYRREVEEWSQNIFSGFSTELLSEAFGISNQVARQLQCQNDQRGEIVRVERGLSLLQPYASLQE
EQGQMOSREHYQEGGYQQSQYSGSGCPNGLDETFTMRVRQNIIDNPNRADTYNPRAGRVTNLNSQNFILNLVQMSAVKVNLYQNALLSP
FWNINAHSVYITQGRAQVQVNNNGKTVFNGLRRGQLLIVPQHVVVKKAQREGCAYIAFKTNPNSMVSHIAGKSSIFRALPTDVLANAYR
ISREEAQRLLKHNRGDEFGAFTPLQYKSYQDVYVNAEAESS [SEQ ID 12]

펩티드 : GAFTPLQYKSYQD[SEQ ID 359]
펩티드 : GLLPHYTNAGSLVY[SEQ ID 360]
펩티드 : FLLAGNKRNPQAYRRE[SEQ ID 361]
펩티드 : ALPTDVLANAYR[SEQ ID 362]
펩티드 : DFLLAGNK[SEQ ID 363]
펩티드 : DVLANAYR[SEQ ID 364]
펩티드 : GAFTPLQYK[SEQ ID 365]
펩티드 : QGDVIALPAGVAHW[SEQ ID 366]
펩티드 : FGAFPLQYKSY[SEQ ID 367]
펩티드 : FLLAGNKRNPQAYR[SEQ ID 368]
펩티드 : FGAFPLQYKSYQ[SEQ ID 369]
펩티드 : GLSLLQPYASLQEQQE[SEQ ID 370]
펩티드 : AFTPLQYK[SEQ ID 371]
펩티드 : FGAFPLQYKSYQD[SEQ ID 372]
펩티드 : GDEFGAFTPLQYK[SEQ ID 373]
펩티드 : FGAFPLQYKSYQDV[SEQ ID 374]

[0406]

펩티드 : FGAFPLQYK[SEQ ID 375]
 펩티드 : FGAFPLQYKS[SEQ ID 376]
 펩티드 : VYIQGRGITGPTF[SEQ ID 377]
 펩티드 : YIIQGRGITGPTF[SEQ ID 378]
 펩티드 : KTNPNMVSISHAGK[SEQ ID 379]
 펩티드 : TNPNSMVSHIAGK[SEQ ID 380]
 펩티드 : PNSMVSHIAGKS[SEQ ID 381]
 펩티드 : NIDNPNRADTYNPRAGRVTN[SEQ ID 382]

 펩티드 : QRDFLLAGNKR[SEQ ID 383]
 펩티드 : LLQPYASLQEQE[SEQ ID 384]
 펩티드 : QRDFLLAGNK[SEQ ID 385]
 펩티드 : QEQQEQGMQSR[SEQ ID 386]
 펩티드 : SLLQPYASLQEQE[SEQ ID 387]
 펩티드 : ASLQEQEQGMQ[SEQ ID 388]
 펩티드 : ASLQEQEQGMQSR[SEQ ID 389]
 펩티드 : DFLLAGNKR[SEQ ID 390]
 펩티드 : QAFEPISVRSQAGTTEF[SEQ ID 391]
 펩티드 : KTNPNMVSISHAGKSSIF[SEQ ID 392]
 펩티드 : VRRVIEPRGLLLPHYTNAGSL[SEQ ID 393]
 펩티드 : FGAFPLQYKSYQDVYN[SEQ ID 394]
 펩티드 : IALPAGVAHW[SEQ ID 395]
 펩티드 : RVRQNIDNPNRADTYNPRAGRVTNL[SEQ ID 396]
 펩티드 : NIDNPNRADTYNPRAGRVTNL[SEQ ID 397]
 펩티드 : GAFTPLQYKSYQDVYN[SEQ ID 398]
 펩티드 : PNSMVSHIAGKSSIFR[SEQ ID 399]
 펩티드 : RLQAFEPISVRSQAGTTE[SEQ ID 400]
 펩티드 : TNPNSMVSHIAGKSSIFR[SEQ ID 401]

단백질 : Q0D7S0 - 3 - 버
 MASNKVVFSVLLAVVSVLAATATMAEYHHQDQVVYTPGPLCQPGMGYPMYPLPRCALVKRQCVRGTAAAAEQVRRDCCRQLAAVDD
 SWCRCEAISHMLGGIYRELGAPDVGHMSEVFRGCRRLERAAASLPACNVDPNGGGGVCYWLARSGY [SEQ ID 13]

펩티드 : ELGAPDVGHM[SEQ ID 402]
 펩티드 : LGAPDVGHM[SEQ ID 403]
 펩티드 : ELGAPDVGHMSEVF[SEQ ID 404]
 펩티드 : ELGAPDVGHMSE[SEQ ID 405]
 펩티드 : ELGAPDVGHMSEVFR[SEQ ID 406]
 펩티드 : ELGAPDVGHMSEV[SEQ ID 407]
 펩티드 : ELGAPDVGHMSE[SEQ ID 408]
 펩티드 : LGAPDVGHMSE[SEQ ID 409]
 펩티드 : YRELGAPDVGHMSE[SEQ ID 410]
 펩티드 : LGAPDVGHMSEV[SEQ ID 411]
 펩티드 : RELGAPDVGHMSE[SEQ ID 412]

추가적인 펩티드 (및 소스 단백질)

HPRPPKPDAPR [SEQ ID 452] – Q0D9DO
 LQQAPPPQQR [SEQ ID 453] – Q6AVS5
 VGWGEQPWSPY [SEQ ID 454] – Q8H920
 FHMPP [SEQ ID 455] – O49927
 FRRP [SEQ ID 456] – P29835
 FWM [SEQ ID 457] – P15838
 HMPPS [SEQ ID 458] - O49927
 PVEMPTLLYPS [SEQ ID 459]
 HMPSS [SEQ ID 460] – O49927
 HRFR [SEQ ID 461] – Q712V4
 HRRS [SEQ ID 462] – P13918
 HSPR [SEQ ID 463] – P14323
 HWF [SEQ ID 464 – P14323
 MFRR [SEQ ID 465] – Q41000

[0407]

MFRRP [SEQ ID 466 – P29835
MPPS [SEQ ID 467] - 049927
MPRR [SEQ ID 468] – P15838
NMPS [SEQ ID 469] – P20698
PHMP [SEQ ID 470] – O49927
PHMPs [SEQ ID 471 – O49927
PRRF [SEQ ID 472] – P15838
WMK [SEQ ID 473] – O04434
DSINALEPDHR [SEQ ID 474] – P05692
ELTFPGSVQ [SEQ ID 475] – Q9M3X6
ELTFPGSVQE [SEQ ID 476] – Q9M3X6
IFEDAITIPGR [SEQ ID 477] – P09886
LDALEPDNRIESE [SEQ ID 478] – P02857
KTLDYWPSLR [SEQ ID 479] – P08688
RHGEWGPSY [SEQ ID 480]
ILVDGSHDIER [SEQ ID 481] – Q5N725
LVSHPIAAHEGR [SEQ ID 482] – P14614
NLAQAPAQALL [SEQ ID 483] – Q0DJ38
FLPQHTD [SEQ ID 484] – P13918
LEPDNR [SEQ ID 485] – P15838
LQSQND [SEQ ID 486] – P14323
LQSQNDQRGEI [SEQ ID 487] – P14323
QSQNDQRGEIHVK [SEQ ID 488] – P14323
RGEIHVK [SEQ ID 489] – P14323
RLQSQNDQ [SEQ ID 490] - P14323
RLQSQNDQRG [SEQ ID 491] - P14323
RLQSQNDQRGEIH [SEQ ID 492] - P14323
VFDGVL RPG [SEQ ID 493] - P14323
HNPR [SEQ ID 494] – P14614
HPMS [SEQ ID 495] – Q0D7S0
HPSF [SEQ ID 496] – Q0DEV5
MPMP [SEQ ID 497] – P29835
PMPL [SEQ ID 498] – P29835
PNSM [SEQ ID 499] – P07728
WDP [SEQ ID 500] – B5A8N6
LRGFSK [SEQ ID 501] – Q9M3X6
RSQNIF [SEQ ID 502] – P07728
YLRGFS [SEQ ID 503] – Q9M3X6
GALMLPHYN [SEQ ID 504] – Q9M3X6
GALMLPHYNSR [SEQ ID 505] – Q9M3X6
KNPQLQDLDFVNYVEIK [SEQ ID 700] P02855
PGQLQSFLLSGNQNNYLSGFSK [SEQ ID 701] P13918
RGPQQYAEWQINEK [SEQ ID 702] Q6K7K6
VLDLAI PVNRPGL [SEQ ID 703] Q6K508
GYVGLTFPGCPATHQQQFLFEQR [SEQ ID 704] P09918
LDVTPLSLGL [SEQ ID 717]
EEGIQLVAEAIR [SEQ ID 718]
YSLKPLVPR [SEQ ID 719]
WHT [SEQ ID 720]
WHN [SEQ ID 721]
NNPF [SEQ ID 722]
MRFR [SEQ ID 723]
MPPSS [SEQ ID 724]
HMPS [SEQ ID 725]
HMPPS [SEQ ID 726]
GHPM [SEQ ID 727]
FWN [SEQ ID 728]
FHMP [SEQ ID 729]
WTIVQGLPIDE [SEQ ID 730]
GYPMYPLPR [SEQ ID 731]
HGGEGGRPY [SEQ ID 732]
LRGFSK
GALMLPHYN
GALMLPHYNSR
VFDGVL RPG

[0408]

LQSQND
LQSQNDQRGEI
QSQNDQRGEIIHVK
RGEIIHVK [SEQ ID 740]
RLQSQNDQ
RLQSQNDQRG
RLQSQNDQRGEIH
MPMP
PMPL
LEPDNR
GIARLAGTSSVIN
RSQNIF
PNSM
GHPM [SEQ ID 750]
HPMS
FLPQHTD
EWQINEK
GPQYAEWQINEK
PQYAEWQ
RGPQQYA
HNPR
WHN
WDP
HPSF [SEQ ID 760]
PGQLQSFLSGNQNNYLSGF
QLQSFLSGNQNNYLSGFSK
QSFLSGNQNNQ
PGQLQSFLSGN
QSFLSGNQ
QNQQNYLSGFSK
YLRGFS
PVEMPTLLYP
RGPQQYAEWQINE
GYVGLTFPGCPATHQQQQLFEQR[SEQ ID 770]
KNPQLQDLDFVNYVEIK
PGQLQSFLSGNQNNYLSGFSK
RGPQQYAEWQINEK
VLDLAIPVNRPGQL
RGPQQYAEWQINEK [SEQ ID 775]

단백질 P02855 [SEQ ID 546-552]
 웹터드 : SRAIVITVNE
 웹터드 : AKLTPGDV
 웹터드 : IVITVNEGK
 웹터드 : LDALEPDNRIESEGGL (P02857 내에도 있음)
 웹터드 : RPYYSNAPQE (P02857 내에도 있음)
 웹터드 : LDALEPDNRIESEGGLIETWNPNNK (P02857 내에도 있음)
 웹터드 : AIVITVNEGK (P13918 내에도 있음)

단백질 P02857 [SEQ ID 553-565]
 웹터드 : LQVVNCNGNTVFDGEL
 웹터드 : QVVNCNGNTVFDGEL
 웹터드 : IIAVPTGIVF
 웹터드 : GRRYRDRHQVNRFRE
 웹터드 : RPYYSNAPQE
 웹터드 : RLDALEPDNRIE
 웹터드 : RLDALEPDNRIESE
 웹터드 : LDALEPDNRIESEGGLIETW
 웹터드 : LDALEPDNRIE
 웹터드 : LDALEPDNRIESEGGLIE
 웹터드 : LDALEPDNRIESEGGL (P02855 내에도 있음)
 웹터드 : RPYYSNAPQE (P02857 내에도 있음)

[0409]

맵터드 : LDALEPDNRIESEGGLIETWNPNNK (P02855 내에도 있음)

- 단백질 P07728 [SEQ ID 566-609]
- 맵터드 : VEHGLSLLQPYASLQEQQGQVQSRER
 - 맵터드 : RSQNIFSGF
 - 맵터드 : GITGPTFPGCPE\$Y
 - 맵터드 : CNGS
 - 맵터드 : SPREC
 - 맵터드 : PREC
 - 맵터드 : PRECR
 - 맵터드 : CPES
 - 맵터드 : SGCS
 - 맵터드 : CSNG
 - 맵터드 : RSQNIFSGFSTE
 - 맵터드 : VEEWSQNIFSGFST
 - 맵터드 : WSQNIFSGFSTEL
 - 맵터드 : WSQNIFSGFSTE
 - 맵터드 : STSQWQSSRR
 - 맵터드 : NRPI
 - 맵터드 : CDGS
 - 맵터드 : PRGC
 - 맵터드 : PRGCR
 - 맵터드 : RGCR
 - 맵터드 : GCRF
 - 맵터드 : PTFP
 - 맵터드 : PGCPE
 - 맵터드 : GCPE
 - 맵터드 : CPET
 - 맵터드 : AHWC
 - 맵터드 : HWCY
 - 맵터드 : SGCP
 - 맵터드 : SGCPN
 - 맵터드 : GCPN
 - 맵터드 : CPNG
 - 맵터드 : TFCTM
 - 맵터드 : FCTM
 - 맵터드 : FCTMR
 - 맵터드 : CTMR
 - 맵터드 : EGCA
 - 맵터드 : SQNIFSGFSTELL
 - 맵터드 : SQNIFSGFSTE
 - 맵터드 : QNDQRGEIVR
 - 맵터드 : SQNIFSGFSTEL (P07730 내에도 있음)
 - 맵터드 : QLQCQNDQRGEI (P07730 내에도 있음)
 - 맵터드 : LGQSTSQWQSSR (P07730 내에도 있음)
 - 맵터드 : QLLGQSTSQWQSSR (P07730 내에도 있음)
 - 맵터드 : LLGQSTSQWQSSR (P07730 내에도 있음)

- 단백질 P07730 [SEQ ID 610-619]
- 맵터드 : NDQRGEIVR
 - 맵터드 : GQSTSQWQSSR
 - 맵터드 : STSQWQSSR
 - 맵터드 : GITGPTFPGCPET
 - 맵터드 : GITGPTFPGCPETY
 - 맵터드 : SQNIFSGFSTEL (P07728 내에도 있음)
 - 맵터드 : QLQCQNDQRGEI (P07728 내에도 있음)
 - 맵터드 : LGQSTSQWQSSR (P07728 내에도 있음)
 - 맵터드 : QLLGQSTSQWQSSR (P07728 내에도 있음)
 - 맵터드 : LLGQSTSQWQSSR (P07728 내에도 있음)

단백질 P09918 [620-630]

[0410]

펩티드 : IFFANQTYL
펩티드 : EHLEPNLEGLTVEE
펩티드 : IFFANQTYLPSETPAPLVHYREEELNNLRGDTGER
펩티드 : IHFEWDDDMGIPGAFYIK
펩티드 : IFFANQTYLPSETPAPLVHYREEELNNLR
펩티드 : TEQALPADLIK
펩티드 : EHLEPNLEGLTVEEAIQNKK
펩티드 : ISKEHLEPNLEGLTVEEAIQNKK
펩티드 : LSLPHPGQDEHGAVSY
펩티드 : ISKEHLEPNLEGLTVEEAIQNK
펩티드 : EHLEPNLEGLTVEEAIQNK

단백질 P0C1U8 [SEQ ID 631]
펩티드 : LSTTGNSGSPVFNEKNE

단백질 P13918 [SEQ ID 632-639]
펩티드 : QSFLLSGNQNNQNYLSG
펩티드 : VLDLAIPVNRPGQLQS
펩티드 : VLDLAIPVNRPGQLQSFL
펩티드 : FLLSGNQNNQNYLSG
펩티드 : FLLSGNQNNQNYLSGFSK
펩티드 : DPQNPFIKSNKFQTLFE
펩티드 : ELAFPGSAQEVDRILENQK
펩티드 : AIVIVTVNEGK (P02855 내에도 있음)

단백질 P14323 [SEQ ID 640-667]
펩티드 : INAVAAKRLQSQNDQRGE
펩티드 : NRAQQQVYGSSIE
펩티드 : PSTNPWHSR
펩티드 : CHGS
펩티드 : CHGSM
펩티드 : PWHS
펩티드 : FREC
펩티드 : RECR
펩티드 : ECRF
펩티드 : CRFD
펩티드 : CRFDR
펩티드 : CTGT
펩티드 : FPGC
펩티드 : FPGCP
펩티드 : PGCP
펩티드 : PGCPA
펩티드 : PGCPAT
펩티드 : GCPA
펩티드 : CPAT
펩티드 : ENFC
펩티드 : NFCT
펩티드 : NFCTI
펩티드 : FCTI
펩티드 : AQQQQVYGSSIEQH
펩티드 : AQQQQVYGSSIEQHSQNIFSGF
펩티드 : AAKRLQSQNDQRGE
펩티드 : QARSLKNNRGEE (P14614 내에도 있음)
펩티드 : FNPSTNPWHSPRQGS (Q0DEV5 내에도 있음)

단백질 P14614 [SEQ ID 668]
펩티드 : QARSLKNNRGEE (P14323 내에도 있음)

단백질 Q0D7S0 [SEQ ID 669]
펩티드 : AAASLPACNVDPNGGGGVCYWLAR

단백질 Q0DEV5 [SEQ ID 670-680]
 웹터드 : VAGSAPGIEGDEIAPLAK
 웹터드 : LGVAGSAPGIEGDEIAPLAKEN
 웹터드 : GSAPGIEGDEIAPLAKE
 웹터드 : VAGSAPGIEGDEIAP
 웹터드 : GVAGSAPGIEGDEIAPLAK
 웹터드 : GVAGSAPGIEGDEIAPLAKEN
 웹터드 : VAGSAPGIEGDEIAPLAKEN
 웹터드 : SAPGIEGDEIAPLAK
 웹터드 : GSAPGIEGDEIAPLAK
 웹터드 : SAPGIEGDEIAPLAKEN
 웹터드 : FNPSTNPWHSRQGS (P14323 내에도 있음)

단백질 Q9M3X6 [SEQ ID 681-699]
 웹터드 : VDLVIPVNGPGK
 웹터드 : LVDLVIPVNGPGK
 웹터드 : IKLPAGTTSY
 웹터드 : IKLPAGTTSYL
 웹터드 : RRNPFLFKSNKF
 웹터드 : IENPVKELTFPGSVQEINR
 웹터드 : RRNPFLFKSNKFLT
 웹터드 : AKPHTIFLPQHIDA
 웹터드 : AKPHTIFLPQHIDAD
 웹터드 : KQKYRYQRE
 웹터드 : KQKYQYQRE
 웹터드 : MLPH
 웹터드 : RRNPFLFKSNKFLTLEFENE
 웹터드 : PFLFKSNKFLTLEF
 웹터드 : SQERRNPFLFKSNKFLTLEF
 웹터드 : RRNPFLFKSNKFLTLEF
 웹터드 : SQERRNPFLFKSNKFLTLEFENE
 웹터드 : LTFPGSVQE
 웹터드 : ELTFPGSVQEINR

버 단백질 : Q0D9D0 MLCLTSSSSAPAPLLPSLADRPSPGIAGGGGNVRLSVVSSPRRSPWPGKVKTNFVSPATA
RKNKTMVTVVEVDHLPYDLDPKLEEFKDFHFNRIKRYLDQKCLIEKHEGGLEEFSGKY
LKFGINTVDGATIYREWAPAAQEAQLIGEFNNWNGAKHKMEKDFGIWSIKISHVNGKPA
IPHNSKVKFRFRHGGGAWVDRIPAWIRYATFDASKFGAPYDGVHWDPPACERYVFKHPRP
PKPDAPRIYEAHVGMGSGEEPEVSTYREFADNVLPRIRANNNTVQLMAIMEHSYYASFY
HVTNFFAVSSRSGTPEDLKYLVDKAHSLGLRVLMDVVHSHASNNTVDGLNGYDVGQNTHE
SYFHTGDRGYHKLWDSRLFNANWEVLRFLSNLRYWWMDEFMFDGFRFDGVTSMLYHHHG
INKGFTGNYKEYFSLDTDVDAIVYMMMLANHLMHKLLPEATIVAEDVSGMPVLCRPVDEGG
VGFDRLAMAIPDRWIDYLNKEDRKWSMSEIVQTLNRRYTEKCIAYAESHQSIQVGDK
TIAFLMLDKEMYTGMSDLQPASPTINRGIALQKMIHFITMALGGDGYLNFMGNEFGHPEW
IDFPREGNNWSYDKCRRQWSLVDTDHLRYKYMNAFDQAMNALEEEFSLSSKQIVSDMN
EKDKVIVFERGDLVVFNFHFNKTYKGYKVGCDLP GK YRVALDS DALVFGGHGRVGHHDVD
HFTSPEGMPGV PETNFNRPNSFKVLSPPRTCVAAYRVDEEDREELRRGGAVASGKIVTEY
IDVEATSGETISGGWKSEKDDCGKKGMKFVFRSSDEDCK [SEQ ID 705]

버 단백질 :Q6AVS5
MDRYQVRERPRPESAIEENEIRITAQGLIRNYVSYATSLQDRRIKEIVLKAMGQAISK
VAVAEIKKRVPGLYQDTNISSVSITDVWEPIEGLVPLEMTRHVSISITLSPRDLKN
SPGYQTPVYVEQPRQQLQAPPPQQRQVRQPPPDYEDSYVRGRGRGRGRGRGWGRG
GYGGYGYGNQGGYNQGGGYDNQGGYGGYDNQGGYGGYDNQGGYGGGYGYNQGRYGN
YQENGGYNRGRGGMGRGNWNYRGGYERGRGGGFGGRGYGGRGRGRMGGRGGRGN
[SEQ ID 706]

버 단백질: Q8H920
MALEHLGRRNVAGSLLLLNLLMYVLLGFAGWALNSSIKNAGADVGVGWGEQPWSPYYRQ

SAWFASRFHLATFAALAGALGVAAKASAAHYHGGRS GASWRPQGLAAAASLGTAAWAATAL
AFGVACREIHDAAGPAGAARGWRMRALEGLTVTLAFTQLLVLLHAAVAGERCGLAC
AADA [SEQ ID 707]

완두 단백질: O49927

MAIKTKLSLTIFLLALLCSNLAVGRKEKDPELTCTCKDQCDMQRQYDEEDKRICMERC
DDYIKKKQERQKHKEHEEEEEQEEDENPYVFEDNDFETKIDTKDGRVLINKNFNEKSK
LLKNIENYGLAVLEIKANAFSLPHHYDSEAILFNIKGRGIIGLVAEDRTERFNLLEEGDIM
RVPAGTPLYLVNRDENELKLYIAAFHMPSSGSAVNLEPFFESAGRKPESVLNTFSSKVL
QAALKSSKGELETVLDEQKKGRIFKIEKEDVRGLAPKKSLLWPFGGPFKSPFNFSNNPAF
SNKFGSLFEVGPQEKSGLEGLNMLTLANITKGSMTIHYNANKIALVIDGEGELEM
ACPHMPSSSSNSRQKSSISYHNINAKLRPGVMFVVPAGHPFVNIASKKNLIVCFEVN
AQRNKKLALAGKKNIVSALDKAAKEVAFDIAAEKVDEVFERKEEFFFPYDNEERKEEHGR
AVV [SEQ ID 708]

완두 단백질 :Q41000

MFRRTSTFLSRASATRRFSTDVATPATNSSFVEAWRKVSPNIDPPKTPLEFLKTRPPVP
STIPTKLTVNFVLPYSSQLAAKEVDSVIPPATTGEMGVLPGHVATIAELKPGVLTVQEGT
DTTKYFVSSGFRFIHANSVADIIAIEAVPNQLDRDLVQKGLQEFTQKLSNATTDLEKRE
AQIGIDVDSALNSALTG [SEQ ID 709]

벼 단백질 : P20698

MKIIFFFALLAIAACSASAQFDAVTQVYRQYQLQPHMLLQQMLSPCGEFVRQQCSTVAT
PFFQSPVFQLRNCQVMQQQCCQQLRMIAQQSHCQAISSVQAIVQQLRLQQFASVYFDQSQ
AQAQAMLALNMPISICGIYPSYNTAPCSIPTVGGIWIY [SEQ ID 710]

완두 단백질 : O04434

MQDSSTMKFSPLDLMTAIIKGFNPNDSSQAPASIIFENREFVMILTTSIAVLIGCVV
LIWRRSNSNKSQIEVPKLVIKLPELDVDDGKKVTVFFGTQTGTAEGFKAIAEEAKA
RYEKA FRVVDMDYAADDEYLEKLRKRETMALFFLATYGDGEPTDNAARFYKWFTEEYE
GEEDFSFNLSYGVFGLGNRQYEHFNKVAKVVDKLLQGGKRLVPVGLGDDDDQCIEDDFT
AWKEELWPALDQLLDEDDTPVATPYTAAVSEYRVVIHDPLDATVDEKRRHNVNNGHAVVD
AQHPVRANVAVRRELHTPASDRSCTHLEFDSGTGVVYETGDHVGVCENLSDTVEEAER
ILGLSPDTYLSIHTDDEEGKPLGGSSLPFPPTLRLTALTKYADLLSSPKKSALVALAA
HASDPSEADRLRLHASPAGKDEYAEWVISSQRSLEVMAEFSSAKPPIGVFFAAVAPRLQ
PRYSSISSPRMAPSRHIVTCALVHDKMPTGRIHKVCSTWMKNSVPLEKNQDCSWAPIF
VRQSNFRLPADNKPVPVIMIGPGTGLAPFRGFLQERLALKEDGAELGPSVLFFGCRNRQVD
YIYEDELNHFVNGGALSELIVAFSRDGPTEYVQHKMMEKASDIWNMISQGAYVYVCGDA
KGMARDVHRTLHTILQEQLDSSKTESMVKNLQMTGRYL RDVV [SEQ ID 711]

벼 단백질 : Q5N725 MSAYCGKYKDELIKNAAYIGTPGKGILAADESTGTIGKRFASINVENVEENRRSLRELLF

TTPGALQHLSGVLFEETLYQTKDGKPFVDVLKEGGVLPGIKVDKGTVEVAGTNKETTT
QGHDLDLGKRCAYYEGARFAKWRAVLKIGPNEPSQLSIDLNAQGLARYAIIICQENGLVP
IVEPEILVDGSHDIERCAYVTEKVLAAACYKALNEHHVLLGSLKPNMVTGSESKKVS
QLIAEYTVRALQRTVPAAPVAIVLSGGQSEEEATVNLNAMNKLSTKKPWALSFSGRAL
QQSTLKA WGGKTENVVKAQAFITRCKANSEATLGTYQGDAVLGEGASESLHV KDYKY
[SEQ ID 712]

완두 단백질: B5A8N6

MASLQTMISFYAIFLSILLTTLFFKVNSTETTSFLITKFSPDQQNLIFQGDGYTTKEK
LTLTKAVKNTVGRALYSSPIHIWDRETGNVANFVTSFTVINAPNSYNVADGFTFFIAPV
DTKPQTGGGYLGVFNSAEYDKTTQTVAVEFDTFYNAAWDPSNRDRHIGIDVNSIKSVNTK
SWKLQNGEEANVVI AFNAATNVLTVSLTYPNSLEENVTSYTLSDVVSLKDVVPEWVRIG
FSATTGAEYAAHEVLSWSFHSELSGTSSSKQAADA [SEQ ID 713]

버 단백질: Q6K508
MATTTLLSSCLCALLPLFSQGVDAWESRQGASRQCRFDRLQAFEPLRKVRSEAGDTE
YFDERNEQFRACAGVFVIRRVIEPQGLVVPVRYNTPALAYIIQKGQYVGLTFPGCPATHQQ
QFQLFEQRQSDQAHKFRDEHQKIHEFRQGDVVVALPASVAHWFYNGGDTPAVVVVVYDIKS
FANQLEPRQKEFLLAGNNQRGQQIFHSIFQHSQGNIFSGFNTEVLSEALGINTEASKRL
QSQNDQRGDIIRVKHGLQLLKPRTLQRQEEHRQYQQVQYREGQYNGLDENFCTIKARVNI
ENPSRADYYNPRAGRITLLNNQKFPILNLIQMGAARVNLYQNALLSPFWNINAHSVVYII
QGSVVRVQVANNQGRSVFNGVLHQGQLLIIPQNHAVIKKAEHNGCQYVAIKTISDPTVSWV
AGKNSILRALPVDVIANAYRISRDEARRLKNRADEIGFPTPRFPQKSQRGYQLTEGLS
LIGM [SEQ ID 714]

완두 단백질 : Q712V4
QKAPRKQLATKAARKSAPATGGVKKPHRFPGTVALREIRKYQKSTELLIRKLFPQRLVR
EIAQDFKTLDRFQSSAVSALQEAAEAYLVGLFEDTNLCAIHAKRVTIMPKDIQLARRIRG
ERA [SEQ ID 715]

완두 단백질: P09886
MAQSVSLSTIASPILSQKPGSSVKSTPPCMASFPLRRQLPRLGLRNVRAQAGGDGDNKDN
SVEVHRVKNDDQGTAVERKPRRSSIDISPFGLDPWSPMRSMRQMLDTMDRIFEDAITIP
GRNIGGGEIRVPWEIKDEEHEIRMRFDMPGVSKEDVKVSEDDVLVIKSDHREENGEGDC
WSRKSYSYCDTRLKLPDNCCEKVKAEKDGVLITIPKTKIERTVIDVQIQ [SEQ ID 716]

각각의 단백질에 대한 상동체의 예

P13918 (완두)
>gi|137584|sp|P08438.1|VCL_VICFA 기록명: 전장=비실린; 플래그: 전구체 [비시아 파바] >gi|22057|emb|CAA68559.1|비실린 [비시아 파바 변종 마이너] >gi|383931031|gb|AFH56916.1| 비실린 [비시아 파바]

MAATTLKDSFLLTLLGIAFLASVCLSSRSDQDNPFVFESNRFQTLFENENGHIRLLQKFDQHSKLLLENLQNYRLLEYKSKPHTIFLPQQTADDFIL
VVLSGKAILTVLLPNDRNSFSLERGDTIKLPAGTIGYLVNRDDEEDLRVLDLVIPVNRPGEPQSFLLSGNQNPQSILSGFSKNILEASFNTDYKEIEK
VLLEEKGKEYHRRGLKDRRQRGQEENVVIVKISRKQIEELNKNKSSKKSTSESEPFNLRSREPIYSNKFGEITPKRNPQLQDLNIFVNYVEI
NEGSLLLPHYNSRAIVITVNEGKGFELVGQRNENQQGLREEYDEEQGEEIRKQVQNYKAKLSPGDVLVIPAGYPVAIKASSNLNLVGFGI
NAENNQRVFLAGEEDNVISQIHKPVKELAFPGSAQEVDTLLENQKQSHFANAQPRERERGSQEKDHLYSILGSF[SEQ ID 506]

>gi|502105533|ref|XP_004492829.1| 예측: 비실린-유사 이소형 X1 [시세르 아리에티눔] 병아리콩

MAIKARFPLLVLGIVFLASVCAKSDKENPFFKSNNCQTLFENENGHVRLQRFDKRSQLFENLQNYRLMEYNSKPHTLFLPQHNDADFILVVL
RGRAILTVLNPDRNTFKLERGDTIKLPAGTIAYLANRDDNEDLRVLDLAIPVNRPGQFQSFLSGNENQQSYFQGFSSKILEASFNSDYEEIERV
LLEEQEQKEQRRGHKGRQSQSETDVIVKISREQIEELSKNAKSNCKSVSSESEPFNLRSRSPISNRFNGNFFETPEKNPQLKDLDFVNSVEIK
EGSLLLPHFNSTRATVILVVNEGKGEVELVGLRNEQENKEDEEEEDRNVQVQRFQSKLSSGDVVVIPASHPFSINASSDLFLLGFGINAQN
NQRNFLAGEEDNVISQIQRPVKEVAFPGSAEEVDRLLNQRQSHFANAQPQQKRGSRIRSPF[SEQ ID 507]

>gi|29539109|emb|CAD87730.1| 알레르겐 Len c 1.0101 [렌스 쿨라나리스] 렌틸

SRSDQENPFIFKSNRFQTIYENENGHIRLLQRFDKRSKIFENLQNYRLLEYKSKPHTIFLPQFTDADFILVVLGKAILTVLNSNDRNSFNLERGDTI
KLPAGTIAYLANRDDNEDLRVLDLAIPVNRPGQLQSFLLSGTQNPQSFLSGFSKNILEAAFNTEYEEIEKVLEEQEQSKQHRRSLRDKRQEITNE
DVIVKVSREQIEELSKNAKSSSKSVSSESEPFNLRSRNPISNKFGEITPEKNPQLQDLDFVNSVEIKEGSLLLPNYNSRAIVITVNEGKGDF
ELVGQRNENQQEQREENDEEEGQEEETTKQVQRYRARLSPGDVLVIPAGHPVAINASSDLNLIGFGINAKNNQRNFLAGEEDNVISQIQRPV
KELAFPGSSREVDRLLTNQKQSHFANAQPLQIE[SEQ ID 508]

[0414]

Q9M3X6 (완두)

>gi|164512526|emb|CAP06312.1| cvc [피습 아비시니쿰]

MATTVESRFPLLFPFGIIFLASVCVTYANYDEGSETRVPGQRRERGRQEGEKEEKRHGEWRPSYEKEEDEEEKQKYRYQREKEDEEEKQKYRYQR
EKKEKEVQPGRRERWEREEDEEQVDEEWRGSGRRQDPEERARLRHREERTKRDRRHKREGEEERSSESQEQRNPFLKSNKFLTFENENG
HIRRLQRFDKRSDFLENQNYRLVEYRAKPHTIFLPQHIDADLILVVLNGKAILTVLSPNDRNSYNLERGDTIKIPAGTTSYLVNQDDEEDLRVVD
FVIPVNRPGKFEAFGLSENKNQYLRGFSKNILEASLNTKYETIEKVLEEQEKPPQLRDRKRRQQGGERDAIKVSRQIEELRLKAKSSSKSLPS
EFEPNLRSHKPEYSNKFGLFEITPEKKYPQLQDLDILVSCVEINKGALMLPHYNSRAIVVLLVNEGKGNLELLGLKNEQQEREDRKERNNEVQ
RYEARLSPGDVVIIIPAGHPVAISASSNLNLLGFGTNAENNQRNFLSGSDDN[SEQ ID 509]

>gi|164512538|emb|CAP06318.1| cvc [라티루스 안누우스]

MATTIKSRFPLLLLGIIFLASVCVTWANYDEGSEPRVPGQRRERGRQEGEKEEKRHGEWRPSYEEYDEGLEPKVPGKRERGRQEGEKEEKRHE
EWRPSYEKEEDEEEKQYNYQREKKHEKVEVQPGRRERWERKQDEKQVEEDEEPGEEQWRGSKRHEDPEERARLRHREETKSYVEDNEETSS
KEGRNPFLKSNKFLTFENENGHIRRLQRFDERSDFENLQNYRLVEYRAKPHTMFLPQHIDADLILVVLNGKAILTVLSPNDRNSYNLERGDT
VKLPAGTTSYLVNQDDEEDLRVVDLAIPVNRPGKFEAFGLSANKNQYLRGFSKNILEASLNTKYETIEKVLEEERDQKGRQQQETNAIVKVS
EQIEELRLKAKSSSKSLSESEPLNLRSONPKYSNKFGEFETPQKYPQLQDLDVSIQVSCVEINKGALLPHYNSRSIGILLVNEGKGNLELVGFKN
EQQRQRENEETNKKLQRYEARLSSGDVVVIPEGHPVAISASSNLNLLGFGINAANNQRNFLTGSDDN[SEQ ID 510]

>gi|164512558|emb|CAP06328.1| cvc [비시아 빌로사]

MATTIKSRFPVLLLLGIIFLTSVCVTYANYDEGREPSVPGQRRERGRQEGEKEEKRHGEWRPSEDEEEKKYEEGRVPGQRRERGRQEGEKEEK
HGKWRPSEDEDEEEKYRYEEGSEPRPGQRETGRQEGEKEKQRPEREPSYEKEEDEEEKQKYQYHREKKEQREVPRGRERFERHEDEEQWRG
IQRHEDPEERARERYRAEIAKRQVEEREERDIPHREQRNPFLKSNKFQTLFQNGYIRRLQRFDKRSDFENLQNYRLVEYRAKPHTIFLPQ
HIDADLIIVLSGRAILTVLSPDDRNSYNLERGDTIKLPAGTTSYLVNQDDEEDLRVVDLAIPVNRPGKVESFLLSGNKNQYLRGFSKNILEASFNT
NYETIERVLLLEEQDKESQQSIGQKRRSQRQETNALVKVSRQELEDKRLAKASSSQEGLSSQFEPINLRSONPKYSNKFGEFETPEKKYPQLQDL
DLFVSSVDIKEGALMLPHYNSRAIVVLLVNEGAGNLELVGLKNEQQEQREKEDEQQRNNDVQRYEARLSPGDVVIIIPAGHPVAVRASSDLNL
LAFGINAENNQRNFLAGSDDN[SEQ ID 511]

P09918 (완두)

>gi|357454557|ref|XP_003597559.1| 종자 리폭시게나제-3 [메디카고 트룬카톨라] >gi|355486607|gb|AES67810.1|
종자 리놀레에이트 9S-리폭시게나제 [메디카고 트룬카톨라]

MFSGVTGILNRGHKIKGTVVLMRKNVLDINSLTSGGVIGQGFILGSTLDNLTAFLGRSVSLQLISATKPDANGKGKLGKATFLEGIITSLPTLG
AGQSAFKIHFEWDDMGIPGAFYIKNFMQTEFFVLVSLTLEDIPNHGSIYFVCNSWIYNKHHKLDRIFFANKAYLPSETAPLVHYREEELNNLR
GDGTGERKEWERIYDYVDYNDLGNPEKGDNHARPVLGGSPTYPPRRGRTGRKPNPKDPKSESRSDFVYLPRDEAFGHLKSSDFLTGYLKA
QNVVPALESVIFDLNFTNPEFDSFDEVHGLYEGGKLPDVLKISPLPVLKEIFRTDGEQFLKYPVPKVLQVSRSAWMTDEEFAREMLAGVNP
VICCLQEFPPRSKLDQVYGDHTSKITKEHLEPNLEGLTVEEAIQNKKLFLDDHDSIMPYLRINSTPTKAYATRTILFLSSDKTLKPLAIELSLPH
DGDEHAGVSHVYQPALEGVESTIWLAKAYVVVNDSCYHQLVSHWLNTHAVVEPFVIATNRHLSYLHPIYKLLYPHYRDTMNNISLARQSLVN
DGGIIEKTFWGRYSMEMSSKYKNWTLPGQALPADLIKRGMAIEEPSSPCGVKLVVEDYPYAHGDEIWAIAKTWVQDYVSLYTTDDILRQ
DSELOAWWWKELVEVGHGDKNEPWWPKMQAREELVEVCTTVIWIASALHAAVNFGQYSYGGILNRPTLSRRFMPEKGSAEYNELVKSPQ
KAYLKTITPKFQTLIDLISRHASDEVYLGGERDNPWNWTSOTRALEAFKKFGNKLAEIEKNLAQRNNDKLRHRLGPVQMPYTLHPSSEGL
TFRGIPNSIS[SEQ ID 512]

>gi|734403888|gb|KHN32710.1| 종자 리놀레에이트 9S-리폭시게나제-3 [글리신 쇼아]

MLGGLLRHGHKIKGTVVLMRKNVLDVNSVTSVGGIIGQGLDLVGSTLDTLTAFLGRSVSLQLISATKADANGKGKLGKATFLEGIITSLPTLGAG
QSAFKINFWDGSGIPGAFYIKNFMQTEFFVLVSLTLEDIPNHGSIHFVCNSWIYNKLFKSDRIFFANQTYLPSETAPLVKYREEELHNLRG
TGERKEWERIYDYVDYNDLGDPPKGENHARPVLGNDTFPPRRGRTGRKPTRKDPNSESRSNDVYLPRDEAFGHLKSSDFLTGYLKS
VSNVLPPLQSAFDLNTFTREFDSFDEVHGLYSGGKLPDIIISKISPLPVLKEIFRTDGEQALKFPPPKVIQVKSASWMTDEEFAREMLAGVNP
NLIKCLKDFPPRSKLDQVYGDHTSQITKEHLEPNLEGLTVDEAIQNKRLFLDDHDPIMPYLRINATSTKAYATRTILFLKNDGTLRPLAIELSLPH
PQGDQSGAFSQVFLPADGEVSSIWLLAKAYVVVNDSCYHQLVSHWLNTHAVVEPFIIATNRHLSVHPIYKLLHPHYRDTMNINGLARLSLVNDGG

[0415]

VIEQTLFWGRYSVEMSAVVYKDWVFTDQALPADLIKRGMAIEDPSCPHGIRLVIEDYPYAVDGLIEWDAIKTWVHEYVFLYYKSDDTLREDPEL
QACWKELVEVGHGDKKNEPWWPKMQTREELVESCAIIWITASALHAAVNFGQYPYGGILNRPTLSRRFMPEKGSAEYEELRKNPQKAYLKT
ITPKFQTLIDLVSIEILSRHASDEVYLGERNPNWTSDTRALEAFKRFGNKLQIENKLSERNNDEKLRNRCGPVQMPYTLPLSSKEGLTFRGIP
NSIS[SEQ ID 513]

>gi|593700103|ref|XP_007150490.1| 가철 단백질 PHAVU_005G157000g [과세올루스 불가리스]
>gi|561023754|gb|ESW22484.1| 가철 단백질 PHAVU_005G157000g [과세올루스 불가리스]

MFSGVSVGLINRGHKLKGTVVLMRKNVLDVNSVTSVGGIVQGGLDILGSTVDNLTAFLGRSVSLQLISATKPDANGKGKLGKATFLEGIITSLPTL
GAGQSAFKIHFEWDDMGPAGFYIKNFMQTEFYLVSLTLEDIPNHGSLHFLCNSWIYNAKHFKNDRIFFVNQIYLPSETPAPLVKYREEELVN
MRGDGTGERKEWDRIYDYDVYNDLGDPAKGENNARPILGGSDDLTPYPRRGRTGRRPTRKDPKESRSSDIYLPDEAFGHLKSSDFTLYGLKS
VSQNFLPALQSAFLDNFTNEFDSFEEVHGLYSGGKLPDVLKISPLVLKEIFRTDGEQTLKFPVPKVVQDSKSAWMTDEEFAREMICGVNP
NLIRLLQDFPQPQSKLDSQVYGDHTSQITKENLENPLEGLTVDEAIQSKRLFLDDHDSIMPLYLRINATSSKAYATRITLFLKDKRTLKPLAIELSLP
HPGGDKSGVVSQVFLPADEGVESVWLLAKSVIVINDSSYHQLVSHWLNTHAVVEPFVIATNRHLSVVHPYIKLLHPHYRDTMNINALARGD
LVNHGGIIEKTFVWGRYSMEMSAVIYKDWVFTDQALPADLIKRGIAITEDPECPHGLRLFIEDYPYAVDGLIEWDAIKTWVHEYVFLYYKSDDTL
KEDPELQAWWKELVEVGHGDKKNEPWWPKMQTREELVEACSIWITASALHAAVNFQYYPYGGILNRPTLSRRFMPEEGSAEYEELKKSP
QKALLKTITPKFQTLVDLSVIEILSRHASDEVYLGERNPNWTSDTRALEAFKRFGKLSIEIEKLSQRNNDKLRNRYGPVMMMPYTLFPSSDE
GLTFRGIPNSIS[SEQ ID 514]

P02857 (완두)

>gi|483449|emb|CAA83677.1| 레구민 A [비시아 사타바]

MAKLLALSLSFCFLFFSSCFALREQSQNEQCQLERINALEPDNRIESEGGLIETWNPNNRQFRCARVALSRATLQRNALRRPYYSNAPQEIYIQQ
GNGYFGMVFPQCPETHEEPQSQSEQGEGRRYRDSSHQKVNRFREGDIIAVPTGIAFWMYNDQDTPVIAISLTDTGSSNNQLDQMPRRFYLAG
NQEQEFRLYQHQQGGKQEQDNDGNIFSGFKRDFLEDAFNVRHIVDRLQGRNEDEEKGAIVKVGGLSIIAPPERQARHERGSRQEEDED
EKEERQPSHHKSRDEDEDDKCRHSQKQSGRRQGDNGLEETVCTAKLRANIGSSSPDIYNPQAGRIKTVTSLDLPVLRWLKLSAEHGLSHK
NAMFVPHYNLNANSVIYALKGRARLQVVNCNGNTVFDGELEAGRALTVPQNYAFAAKSLSERFTYVAFKTDDRASIRLAGTSSVIDDLPLDV
VAATFNMQRNEARQLKSNPNPKFLVPPRQSEMRASA[SEQ ID 515]

>gi|600108|emb|CAA86824.1| 레구민 A 전구체 [비시아 나르보넨시스]

MAKLLALSLSLCLFFLSNFSALREQSQNEQCQLERLDALEPDNRIESEGGLIETWNPNNRQFRCAVALSRVTLQRNALRRPYYSNAPQEIYIQQ
GNGYFGVVPFGCPETFEPEQSEQRERRRYRDSSHQKVNRFREGDIIAVPTGNVLWMYNDQDTPVIAISLTDTGSSNNQLDQIPRRFYLAGNQ
EQEFLRYQREQGGKQEQENDGNIFSGFKRDFLEDALNVNRHIVDRLQGRNEDEEKGAIVKVGGLSIIITPPERQGRGSRQEEDEDEKQPS
RRRDESEQGESRRHGDNGLEETVCTAKLRVNISSSPDIYNPQAGRINTVTSLDLPVLRWLKLSAEHGLSRKNALIVPHYNNRANANSVIYALKG
RARLQVVNCNGNTVFDGELEAGRALTVPQNYAFAAKSLSERFTYVAFKTDNRDGIARLAGTSSVINDLPLDVVAATFNLQRNEARQLKSNPN
FKLLVPPRESEKRASA[SEQ ID 516]

>gi|502110016|ref|XP_004493779.1| 예측: 레구민-유사 [시세르 아리에 터눔]

MAKLLALSLSFCFLFFSGCFALRDQPEQNEQCQLEHLNALEPDNRKIESEGGLIETWNPNSNQFRCAVALSRATLQPNSLRRPFYTNAPQEIFIQQ
GNGYFGMVFPQCVETFEPERESEQEGSKFRDSSHQKVNRFREGDIIAVPTGVVFWMFNDQDTPVIAVSLIDTSSFNQLDQMPRRFYLAGN
HEXXXXXXXXXQEGSEEEENEGGNIFSGFKRDFLEDALNVNRIVNKLQGRNEDEEKGAIVKVGGLSIIITPPEKEPRQKGRGSRQEEDEDEK
RQPHRHSRQDEDEDEKQPRRHSRGGSKSQRDNGFEETICTARLHQNIGSSSPDIYNPQAGRINTVTSFDLPALRFLKLSAEFGSLHKNAMFV
PHYNLNANSILYALKGRARLQIVNCKGNSVFDGELEAGRALIVPQNFAIAAKSLSDRFYVAFKTDNRAAIGRLLGASSLINGMPEVVAAAFN
MERNEARQLKFNSPFSFLVPPRSDSDNKAAA[SEQ ID 517]

P02855 (완두)

>gi|164512536|emb|CAP06317.1| cvc [라티루스 히르수투스]

MAIIKSRFPLLLLLGIIFLASVCATWANYDEGSEPRVPGQREGRQEGEKAESHEKWRPSYEEYDEGSEPRVPGKREGRQEGEKEEKRHGE
WRPSHEEYDEGSEPRVPTHGERGRQEGEKEEKRHEEWRPSYEKEDEEKEKYKQREKKEQKEVQPGREKWERKQDEKHVEEDEDQEEE

QWRGSKRREDPEERARLRYREERTKSNVEEETEERRNPFLFKSNKFLTLFENENGHIRRLQRFDRSDIFENLQNYRLVEYKAKPHTMFLPQHID
ADLIIVVLNGKAILTVLSPNDRNSYNLERGDTIKLPAGTTSYLVNQDDEEDLRVVDLAI PVNRP GKFEAFGLSANKNQYLRGFSKNILEAFLNTKY
ETIEKVLEE QERRDRKGRQQGQETNAIVKVSREQIEELRKLA KSSSKSLLSESEPINLR SQNP KYSNKFGLFEITPEKKYPQLQDL DVSISCV EI
NEGAPLLPHYNSRAIVLLVNEGKGNLELVGFKNEQQRQRENEERNKKVQRYEARLSPGDVVVIPAGHPVAISASLNLNLVGFGVNAENNQR
NFLTGSDDN[SEQ ID 518]

>gi|164512542|emb|CAP06320.1|cvc [라티루스 시세라]

MATIIKSRFPLLLLLGIIFLASVCVTLAN YDEGSEPRVPAQRERGRQEGEKEEKRHG EWRPSHEKEYDEGSEPRVPGRRERGRQEGEKEEKRHG E
WRPSYEKEYDEGSEPRVPGRRERGRQEGEKEEKRHG EWRPSYEKEYDEE EKQKYQYEREKEE KEVQPGRERWERKEDEEKEEDQWRGSQ
RHEDPEERARLRYRKERTKKYVEEDTEETSSSEQGRRNPFLFKSNKFLTLFENENGYIRRLQRFDRSDIFENLQNYRLVEYRAKPHTIFLPQHIDA
DLILVLNGKAILTVLSPNDRNSYNLERGDTIKLPAGTTSYLVNEDDEEDLRVVDLIPVNRP GKFEAFDLNQYLGGFSKSVLEASLNTKYETIEKVL
LEEQQKQGQETNAIVKVSREQIEELRKLA KSSSKSLLSELEPVNLRSHSPKYSNKF GKF FEITPEKKYPQLQDL DVSISCV EINEGALLPHYNSRA
IVVVLVNEGKGNLELLGVQNEDEQQRKERKNKEVQRYEARLSPGDVVVIPSGHPVAVSASSNLNL LGGFINAENNQRNFLSGSDDN[SEQ ID
519]

>gi|164512544|emb|CAP06321.1|콘비실린 [라티루스 사티부스]

MATIIKSRFPLLLLLGIIFLASVCVTYANYDEGSEPRVPAQRERGRQEGEKEEKRHG EWRPSSEKEYDEGSEPRVPGRRERGRQEGEKEEKRHG E
WRPSYEKEYDEE EKQKYQYEREKEE KEVPGRERWERKEDEEKEEDQWRGSQRHEDPEERARLRYRKERTKKYVEEDTEETSSSEQGRRNP
FLFKSNKFLTLFENENGYIRRLQRFDRSDIFENLQNYRLVEYRAKPHTIFLPQHIDADLI LVLNGKAILTVLSPNDRNSYNLERGDTIKLPAGTTS
YLVNEDDEEDLRVVDLIPVNRP GKFEAFDLNQYLGGFSKSVLKASLNTKYETIEKVLEE QKQGQETNAIVKVSREQIEELRKLA KSSSKSLLS
ELEPVNLRSHSPKYSNKF GKF FEITPEKKYPQLQDL DVSISCV EINEGALLPHYNSRAIVLLVNEGKGNLELLGVQDEDEQQRKERKNKEVQRY
EARLSPD VVIPAGHPVAVSASSNLNL LGGFINAENNERNFLSGSDDN[SEQ ID 520]

D3VNE1 (완두)

>gi|357507721|ref|XP_003624149.1|프로비실린 [메디카고 트룬카톨라] >gi|87162569|gb|ABD28364.1|쿠원, RmIC-
유형 [메디카고 트룬카톨라] >gi|355499164|gb|AES80367.1|비실린 47 kDa 단백질 [메디카고 트룬카톨라]

MAIKAPFQLMLLGIIFLASVCSSRRDRHDQENPFFFNANHFQTLFENENGHIRLLQRFDKRSKIFENLQNYRLLEYHSHKPHTLFLPQHNDAD
FILAVLSGKAILTVLSPNDRNSYNLERGDTIKLPAGSIAYLANRDDNEDLRVLDLAI PVNRP GKQFSLSGSGNQQSFFSFGFSKNILEAAFNANY
EEIERVLIEEHEQEPQHRRGLRKDRRQSQSDSNVIVKVSREQIEELSRHAKSSRRSGSSESAPFNLRSEPIYSNEFGNFFEITPEKNPQLKDLDIL
VNYAEIREGSLLLPHFNSTRATVIVVVDGKGFEFELVGQRNENQQEQREEDEQQEERSQQVQRYRARLSPGDVVVIPAGHPTVVSASDLSLL
GGFINAENNERNFLAGEEDNVISQIERPVEVAFPGSAQDVESLLKNQRQSYFANAQPQQREREEGRSQRQRELISSILGVF[SEQ ID 521]

>gi|164512560|emb|CAP06329.1|콘비실린 [비시아 페레그리나]

MATTFKSRFSLLLLLGIIFLAFVCVTCANYDEGSEPRVPGQRERGRQEGEKEEQSRERHPQREPSREKEEDEE EKQKYDEGTEPRVPGQRERGR
QEGEKEEQRRERHPGQREPSQEEDEREESDRRQEGSSKEEQRNPF LFKSNKFLTLFQNGNGHIRLLQRFDKRSDLFENLQNYRLLEYRAKPH
TIFLPQHIDADLILVVLSGRAILTVLSPDNRNSYNLERGDTIKLPAGTTSYPLNQDDEEDLRVVDLAI SVNRP GKVESFNLSGNKNQYLRGFSENIL
EASFNTKYETIEKVLEE QDKESQQRGRLQRFQETNALVKVSREQVEELKRLARTSSKKGVSSFEFPFNLRSHGPKYSNKF GKF FEITPEKKYPQ
LQDLDISVSSVEINEGALFLPHYNSRAIVVVLVDEGKGNLELVGFKNEQQEQREKEDEQEERNKQVQRYEARLSPGDVVVIPAGHPVAVSASSN
LNLLGFGINAENNQRNFLTGSDDN[SEQ ID 522]

>gi|164512562|emb|CAP06330.1|콘비실린 [비시아 루테아]

MATTIKLRFPLLLLLGVILLASVCVTCANYDEGSEPRVPGRPEGEKEEKHRGKL RPSYEKEEDEGEKQRYHYEKKEQKEAQPRREKKEQKEEEKQ
VEEESRESQRYEDPGERARERYAEIIRKQVEKEREERDRRHQREGEEEGSSSRNPFLFKSNNFLTLFENENGHIRLLQRFDKRSDLFENLQNY
RLVEYRAKPHTIFLPQHIDADLILVVLSGKAILTVLSPNNRNSYNLKR GDTIKLPAGTTSYLLNSDDEEDLRMVDLAI SVNRP GKVESFNLSGNKN
QYLRGFSKNILEASFNTKYETIEKVLEE QDKESQSQISGQKRISQRQETNALVKVSREQIEEPKRLARSSSRKGVSEFEPINLR SQRP KYSNKF GKF
YEISPEKKYPQLQDL DVSVSSVEINEGALLPHYNSRAIVTVLVNEGKGNLELIGFQNEQQGQREKEDEQHERNKQVQRYDARLSSGDVVVIP
AGHPVAVSASSNLDLLGFGINAENSQRNFLTGSDDN[SEQ ID 523]

[0417]

P07728 (버)

>gi|531874314|gb|AGT59174.1| 클루텔린, 부분적 [오리자 사티바 인디카 군]
CRFDRLQAFEPISVRVSQAGTTEFFDVSNQEQCTQGVSAVRRVIEPRGLLPHYTNGASLVYIIQGRGITGPTFPGCPESYQQQFQQSGQAQLT
ESQSQSHKFKDEHQKIHRFRQGDVIALPAGVAHWWCYNDGEVPVVAIYVTDLNNGANQLDPRQRDFLAGNKRNPPQAYRREVEERSQNIFSG
FSTELLSEALGVSSQVARQLQCQNDQRGEIVRVEHGLSLLQPYASLQEQEQGQVQSRERYQEQGYQQSQYSGSCSNGLDETFCMTKVRQNI
DNPNRADTYNPRAGRVTNLNTQNFPLNLVQMSAVKVNLYQNALLSPFWNINAHSVVYITQGRARVQVNNNGKTVFNGELRRGQLLIIPQ
HYAVVKKAQREGCAYIAFKTNPNSMVSHIAGKSSIFRALPNDVLANAYRISREEAQRLKHNRGDEFGAFTPIQYKSYQDVYNAAESS[SEQ ID
524]

>gi|109894635|gb|ABG47337.1| 클루텔린 전구체 [지자니아 라티폴리아]

MNMATINGPTIFFTVCLFLCHGSLAQLLGQSTSQWQSSHRGSSRQCRFDRLQAFEPVRSVRVSQAGTTEFFDASNELFQCAGVSIVRRIIEPRG
LLLPQYNTGATIMYIIQGRGITGQTFFPGCPESYQQQFQQSQMQAQLTGSQSQSKFKDEHQKINRFRQGDVIALPAGVAHWWCYNDGEVPVVA
IYVIDINNAANQLDPRQRDFLAGNMRSPQAYRREVENQSQNIFSGFSAELLSEALGISTGVARQLQCQNDQRGEIVRVEHGLSLLQPYASLQEQ
QEQKQEQPRERYQVTQHQQSQYGGGCSNGLDETFCAMRIWQNIIDNPNLADTYNPRAGRVTNLNSQKFPILNLIQMSAVKVNLYQNALLSP
FWNINSHSVVYVTQGCARVQVNNNGKTVFNGELRRGQLLIIPQHYYVVVKKKAQREGCAYIAFKTNPNSMVSHIVGKSSIFRALPTDVLANAY
RISREDAQRLKHNRGDELGAFTPLQYKSYQDVSSVAASS[SEQ ID 525]

>gi|472867|emb|CAA52764.1| 11S 글로불린 [아메나 사티바]

MATTSFPSMLFYFCIFLLFHGMSMAQLFGQSSTPWQSSRQGGLRGCRFDRLQAFELRQVRVSQAGITEYFDEQNEQFRCTGVSVIRRVIEPQGL
VLPQYHNAPALVYILQGRGFTLTFPGCPATFQQQFQPFDDQSQFAQQGQRQSQTIKDEHQRVQRFKQGDVVVALPAGIVHWCYNDGDAPIVA
IYVFDVNNNANQLEPRQKEFLLAGNNKREQQSGNNIFSGLSVQLLSEALGISQAAQRIQSQNDQRGEIIRVSQGLQFLKPIVSQQVPGEQQV
YQPIQTQEQGQATQYQVGQSTQYQVGKSTPYQGGQSSQYQAGQSWDQSFNGLEENFCSLEARKNIENPQHADTYNPRAGRITRLNSKNFPIL
NIVQMSATRVNLYQNAILSPFWNINAHSVIYMIQGHARVQVNNNGQTVFNDILRRGQLLIVPQHFFVLKKAEREGCQYISFKTNPNSMVSH
IAGKSSILRALPIDVLANAYRISRQEARNLKNNRGEEFGAFTPKLTQKGFQSYQDIEEGSSSPVRASE[SEQ ID 526]

P14614 (버)

>gi|115445309|ref|NP_001046434.1| Os02g0248800 [오리자 사티바 자포니카 군] >gi|37993738|gb|AAR06952.1|
클루텔린 유형-B [오리자 사티바 자포니카 군] >gi|47497729|dbj|BAD19794.1| 클루텔린 유형-B [오리자 사티바
자포니카 군] >gi|113535965|dbj|BAF08348.1| Os02g0248800 [오리자 사티바 자포니카 군]
>gi|215768942|dbj|BAH01171.1| 무명 단백질 산물 [오리자 사티바 자포니카 군] >gi|284431772|gb|ADB84627.1|
클루텔린 [오리자 사티바 자포니카 군]

MTISVFSRFSIYFCVLLLCNGMSMAQLFDPATNQWQTHRQGSFRECRFERLQAFELQNVNSEAGVTEYFDETNELFQCTGTFVIRRVIQPQGLL
IPRYANTPGMVYIIQGRGSMGLTFPGCPATYQQQSQQLFQGESQSQKFIDEHQKIHQFRQGDIVVLPVTAHWFYNDGDTPVVALYVYDI
NNSANQLEPRHREFLAGKNNRVQVYGRSIIQHSQGQNFNGFSVEPLSEALNINTVTTKRLQSQNDQRGEIIVHKNGLQLLKPTLTQRQEQE
QAQYQEVQYSEKPTSTSRWNGLEENLCTIKTRLNIENPSRADSYDPRAGRITSLDSQKFPILNIIQMSATRVNLYQNAILTPFWNVNNAHSLMYV
IRGRARVQVVSNGKTVFDGVLRLPEQLLIIPQYVNVVKKKAQHEGCQYIAINTNANAFVSHLAGVDSVFHALPVDVIANAYCISREEARRLKNNR
GDEYGFPPRLQQQYPEFSNESKETSE[SEQ ID 527]

>gi|428674402|gb|AFZ41188.1| 클루텔린, 부분적 [오리자 사티바 자포니카 군]

LLCHGMSMAQIFSLGINPWQNPRQGGRECRFDRLQAFELRKRVRHEAGVTEYFDEKNEQFQCTGTLVIRRIIEPQGLLPRYSNTPGLVYIIQGT
GVLGLTFPGCPATYQKQFRHFGLEGGSQRGKKLRDENQKIHQFRQGDVVALPSGIPHWFYNEGDTPVVALFVFDVNNNANQLEPRQKEFL
LAGNNIEQQVSNPSINKHSGQNFNGFNTKLLSEALGVNIEVTRRLQSQNDRRGDIIRVKNGRLRIKPTITQQQEQTQDQYQIQYHREQRSTS
KYNGLDENFCAIRARLNIENPNHADTYNPRAGRITNLNSQKFSILNLVQMSATRVNLYQNAILSPFWNINAHSLVYTIQGRARVQVVSNHGKA
VFNGVLRPGQLLIIPQYVNVMMKAELEGFQFIAFKTNPNAMVNHIAKGNSVLRAMPVDVIANAYRISRQEARSLKNNRGEEIGAFTPRYQQQ
KIHQEYSNPNESETQ[SEQ ID 528]

[0418]

>gi|226510|prf||1515394A 종자 저장 글로불린

MATTRFPQLLFYSCIFLLCNGSMAQLFGQSFTPWQSSRQGGLRGCRFDRLQAFEPRLQVRSQAGITEYFDEQNEQFRCAGVSVIRRVIEPQGLL
LPQYHNAPGLVYLQGRGFTGLTFPGCPATFQQQFQPFDDQARFAQGQSKSQNLKDEHQRVHHIKQGDVVALPAGIVHWCYNDGDPIVAV
YVFDVNNNANQLEPRQKEFLLAGNNKREQQFGQNFISGFSVQLLSEALGISQQAQKIQSQNDQRGEIIRVVSQGLQFLKPFVSQQGPVEHQA
YQPIQSQQEQTQYQVGQSPQYQEGQSTQYQSGQSWDQSFNGLEENFCSEARQNIENPKRADTYNPRAGRITHLNSKNFPTLNLVQMSA
TRVNLQQNAILSPYWNINAHSMHMIQGRARVQVNNHGQTVFNDILRRGQLLIIPQHYVVLKKAEREGCQYISFKTTPNSMVSYIAGKTSIL
RALPVDVLANAYRISRQESQNLKNNRGEFGAFTPKFAQTGSQSYQDEGESSSTEKASE[SEQ ID 529]

P07730 (벼)

>gi|225959|prf||1404367A 글루텔린

MASTRNPVFFTVCLFLLCDGSLAQLLQGSTSQWQSSRRGSPRGCRFDRLQAFEPISVRSQAGTTEFFDVSNELFQCTGVSVVRRVIEPRGL
LLPHYNTGASLVYIIQGRGITGPTFPGPCPETYQQQFQSGQAGLTESQSQSHKFKDEHQKIHFRQGDVIALPAGVAHWCYNDCEVPVVAIYV
TDINNGANQLDPRQRDFLLAGNKRNPQAYRREVVEEWSQNFISGFSSTELLSEAFGISNQVARQLQCQNDQKGEIVRVERGLSLLQPYASLQEQ
EQGQMQRSEHYQEAGGYQSQSYGSGCPNGLDETFCVNKVRQNIIDNPNRADTYNPRAGRVTNLSQNFILNLVQMSAVKVNLYQNTDWTWIS
MGQEENALLSPFWNINAHSIVYITQGRAQVQVLRGQLLIVPQHYYVVVKAQREGCAYIAFKTNPNMSMVSHIAGKSSIFRALPTDVLANAYRIS
REEAQLKHNRRGDEFGAFTPLQYKSYQDVVNAESS[SEQ ID 530]

>gi|573943558|ref|XP_006654150.1| 예측: 글루텔린 유형-A 3-유사 [오리자 브란키안타]

MKSSIVFSTICLVLLCHGSLAQLLQGSTSQWQSSRRGSPRQCRCFDQLQAFEPVRTVRSQAGVTEFYDVSNELFQCTGVSVVRRVIEPRGLLPHY
SNGATLVYIIQGRGITGPTFPGPCPETYQQQFQSGGEAQPFEQSHKFRDEHQKIHFRQGDVVALPAGVAHWCYNDGEVPVIAIYVTDIYNS
ANQLDPRHRDFLAGNNKVAQQLYRSEARENSKNIFGGFSVELLSEALGISRGVARQLQCQNDQRGEIVRVEHGLALLQPYASVQEQQEQEQV
QSRDYEQTQYQQKQPQGSNSGLDETFCMRLRQNIIDNPNLADTYNPKAGRITYLNGQKFPILNLVQMSAVKVNLYQNAVLSPFWNINAHS
VVYITQGRARVQVNNNGKTVDFGELRQGQLLIIPQHVVVLKKAQREGCSYIALKTNPNMSIVSHIAGKNSIFRALPGDVVTNAYRISRREEAKRIK
HNRGDESGVFAPSHAYRSYQDMSVAA[SEQ ID 531]

>gi|721641733|ref|XP_010231907.1| 예측: 12S 종자 저장 글로불린 1-유사 [브라키포디움 디스타키온]

MAHTSFSSFLSYFCLFLLFHGSLAQLVGQVSTWQSSRQGGSRDCSFDRLQAIEPVTQVRSQAGLTEYFDEQNEQFRCAGVFVIRRVIEPRGLL
LPRYHNTPLGLVYLQNGFVGLTFPGCPETFREQQFRQTQSTLQSQSQSQKLGDVHQRVHQFTQGDVVALPTGVAHWIYNGGDAPVV
IVYVFDVNNNANQLEPRQKEFLLGNGYNGVLQYGGQNFISGFNAQLLSQAAGINEQTSQRIQNQNDGRGDIIRVDNGLQFLKPVVTQQQPEQ
PFMPIQHQTGQSSRNGLEENFCSEPRQNIEDPNRADTYNPRAGSITRLNGQNFILNLVQMSATRVNLQKNAILSPFWNINAHSVVYVIQG
HALVQVNNQGHNVFNGLLHRGQLLIIPQNYVVLKKAESGEQYQYIAFKTNANSMVSHIAGKNSILRALPVDVIANAYRISRQEAQNLKNNRGE
ETGVLTPNFSQSTCQSYQTEDVQSLRPMMSHWSE[SEQ ID 532]

Q0D7S0 (벼)

>gi|169244463|gb|ACA50505.1| 종자 알레르겐성 단백질 RAG2 [오리자 사티바 자포니카 군]

MASNKVVFSALLLIIVSVLAATATMADHHKDQVVYSLGERCQPGMGYPMYSLPRCAVVKRQCVGHGAPGGAVDEQLRQDCCRQLAAVD
DSWCRCSSALNHMVGGIYRELGATDVGHPMAXVFPGCCRRGDLERAAASLPACNVDPNGTGGVCYWLGYPRTPRTGH[SEQ ID 533]

>gi|5777592|emb|CAA44001.1| 저분자량 글로불린 [오리자 사티바]

MASNKVVFSALLLIIVSVLRDGTADMDHHKDQVVYSLGERCQPGMGYPMYSLPRCAVVKRQCVGHGAPGGAVDEQLRQDCCRQLAAVDD
SWCRCSSALNHMVGGIYRELGATDVGHPMAXVFPGCCRRGDLERAAASLPACNVDPNGTGGVCYWLGYPRTPRTGH[SEQ ID 534]

>gi|115471175|ref|NP_001059186.1| Os07g0214600 [오리자 사티바 자포니카 군] >gi|23616954|dbj|BAC20657.1|
알레르겐 RA16 [오리자 사티바 자포니카 군] >gi|113610722|dbj|BAF21100.1| Os07g0214600 [오리자 사티바
자포니카 군] >gi|125557687|gb|EAZ03223.1| 가설 단백질 Os_25372 [오리자 사티바 인디카 군]

MASNKVVISALLVVVSVLAATTTMADHHQEQQVVYTPGQLCQPGIGYPTYPLPRCRAVFKRQCVAPGTVDQVRRGCCRLAAIDSSWCRC
DALNHMLRIIYRESGAADAGHPMAEVRFGCRRGDIERAAASLP AFCNVDPNGVGGVCYWLPGTGY[SEQ ID 535]

Q0DEV5 (버)

>gi|83375868|gb|ABC17777.1| 왓스질 [오리자 루피 포콘]

MSALTTSQLATSATGFGIADRSAPSSLLRHGFQGLKPRSPAGGDATSLSVTTSARATPKQQRSVQRGSRFRFSPVVVYATGAGMNVVFGAEM
APWSKTGGLDVLGGLPPAMAANGHRVMVISPRHDQYKDAWDTSVVAEIKVADRYERVRFFHCYKRGVDRVFDHPSFLEKVVWGKTGEKI
YGPDTGVDYKDNQMRFSLLCQAPRILNLNNNPYFKGTYGEDVVFCNDWHTGPLASYLKNNYPNGIYRNAKVAFCIHNISYQGRFAFEDYP
ELNLSERFSSFFDIDGYDTPVEGRKINWMKAGILEADRVLTSPYYAEELISGIARGCELDNIMRLTGITGIVNGMDVSEWDPSPKDKYITAKYD
ATTAIEAKALNKEALQAEAGLPVDRKIPLIAFIGRLEEQKGPDVMAAAIPELMQEDVQIVLLGTGKKKFEKLLKSMEEEKYPGKVRVAVVFNAPLA
HLIMAGADVLAVPSRFEPGCGLIQLQGMRYGTPCACASTGGLVDTVIEGKTGFHMGRLSVDCKVVEPSDVKKVAATLKRAIKVVGTPAYEEMV
RNCMNQDLSWKGPaknWENVLLGLGVAGSAPGIEGDEIAPLAKENVAAP[SEQ ID 536]

>gi|297614332|gb|ADI48504.1| 클리코겐 신타라제 [오리자 오피시날리스]

MSALTTSQLATSATGFGIADRSAPSSLLRHGFQGLKPRSPAGGDASSLVTTSARATPKQQRSVQRGSRFRFSPVVVYATGAGMNVVFGAEM
APWSKTGGLDVLGGLPPAMAANGHRVMVISPRHDQYKDAWDTSVVAEIKVADRYERVRFFHCYKRGVDRVFDHPSFLEKVVWGKTGEKI
YGPDTGVDYKDNQMRFSLLCQAALEAPRILNLNNNPYFKGTYGEDVVFCNDWHTGPLPSYLKNNYPNGIYRNAKVAFCIHNISYQGRFAF
EDYPELNLSERFSSFFDIDGYDTPVEGRKINWMKAGILESDRVLTSPYYAEELISGIARGCELDNIMRLTGITGIVNGMDVSEWDPSPKDKYIA
AKYDATTAIEAKALNKEALQAEAGLPVDRKIPLIAFIGRLEEQKGPDVMAAAIPELMQENVOIVLLGTGKKKFEKLLKSMEEEKYPGKVRVAVVFNAPLA
HLMAGADVLAVPSRFEPGCGLIQLQGMRYGTPCACASTGGLVDTVIEGKTGFHMGRLSVDCKVVEPSDVQKVATTLKRAIKIVGTPAY
NEMVRNCMNQDLSWKGPaknWENVLLGLGVAGSAPGVEGEEIAPLAKENVAAP[SEQ ID 537]

>gi|389620054|gb|AFK93486.1| 파립-결합된 전분 신타라제 [호르데움 불가레 아종 불가레]

MAALATSQLATSGTVLGVTD RFRPRPGFQGLRPNRPADAALGMRTIGASAAPKQSRKAHRGSRRCLSVVVRATGSGMNLVFGAEMAPWS
KTGGLDVLGGLPPAMAANGHRVMVISPRHDQYKDAWDTSVISEIKVADEYERVRFFHCYKRGVDRVFDHPWFLEKVRGKTKEKIYGPDA
GTDYEDNQRFSLCQAALEAPRILNLNNNPYFSGPYGEDVVFCNDWHTGLLACYLKSNGIYRTAKVAFCIHNISYQGRFSDFFAQL
NLPDRFKSSFFDIDGYDTPVEGRKINWMKAGILQADKVLTVSPYYAEELISDEARGCELDNIMRLTGITGIVNGMDVSEWDPSTKDKFLAVNYDI
TTALEAKALNKEALQAEVGLPVDRKIPLIAFIGRLEEQKGPDVMAAAIPEILKEEDVQIILLGTGKKKFEKLLKSMEEFPGKVRVAVVFNAPLAH
QMMAGADLLAVTSRFEPGCGLIQLQGMRYGTPCVCASTGGLVDTVIEGKTGFHMGRLSVDCNVVEPADVKKVATTLKRAIKVVGTPAYQEM
VKNCMIQDLSWKGPaknWENVLLGLGVGSEPGIVGEEIAPLAMENVAAP[SEQ ID 538]

P14323 (버)

>gi|573918992|ref|XP_006647120.1| 예측: 글루텔린 유형-B 2-유사 [오리자 브란키안타]

MATTVSRFSYFCVLLCHGMSAQLFNPSTNPWHNPRQGSSRECFDRLLQPFEP LKVRSEAGVTEYFDEKNELFQCTGT FVIRRVIQPQGLL
VPRYTNPAGLVYIIQGRGSIGLTFPGCPATYQQQFQQLPQEQQSQKFRDEHQKIHQFRQGDIVLPAGVAHWFYNDGDAPVAVVYVDV
KNSANQLEPRQREFLLGGNNMRAQQVYGSAAEQHSRQNI FSGFGVEILSEALGISTVTTKRLQSQNDQRGEI IHVKNGLQFLKPTLTQQQEQQA
QAQYQEVQYSEQQQTSSRWNLGDNFCTIKARMIENI TSRADTYNPRAGRITSLNSQKFPILNLVQMSATRVNLYQNAILSTFWNVNNAHSL
VYTIQGRARVQVVSNGFTKTVFDGELRPGQLLIIPQHYYVLKKAQREGFRYIAIKTNANAFVSQLVGKNSVFRSLPVDVIANVYRISREQARSLKN
NRGEEHGAFAPRSQQSYPGFSNQSESE[SEQ ID 539]

>gi|573919041|ref|XP_006647142.1| 예측: 글루텔린 유형-B 4-유사 [오리자 브란키안타]

MATTTFSRFSIYFCVLLCHGMSAQLFSP LNPWHSSRRGGSRDCRFDRLLQAFEPLRRVRSEAGVTEYFDERNEQFQCTGT FVIRRVIEPQGLL
VPRYTNPAGLVYIIQGRGSMGLTFPGCPATYQQQFQQLPPEGQSQSQKFRDEHQKIHQFRQGDIVLPAGVAHWFYNEGDTPVVALYVFD
INNSANQLEPRQKDFLLAGNNNREQQVYGRSIEKHSQNIFSGFNHELLSEALGISTLA AKRLQGQNDHRGEIIRVVRNGLQLKPTFTQQQEQ
AQSQYQVQYSEKQEQESTRCNLGDNFCTINARLNIENPSRADTYNPRAGRITHLNNQKFPILNLVQMSATRVNLYQNAILSPYWNVNAHSLV
YMVQGHARVQVVSNLGKTVFNSVLRPGQLLIIPQHYYVLKKAEREQCQYIAFKTNANSIVSQLAGKNSILRAMPVDVVA NAYRISREQARDLK
NNRGELGAFTPKFEQQSYPLGSNESESE[SEQ ID 540]

>gi|109894635|gb|ABG47337.1| 글루텔린 전구체 [지자니아 라티폴리아]

MNMATINGPTTIFTTVCVLLFLCHGSLAQLLGQSTQWQSSHRGSSRQCRFDRLOAQEFVPSVRSVRSQAGITFEFFDASNELFCQACGVSVIRRIIEPRG
 LLLPVQITNGATIMQDQGRGIGTGTPFGPCSPSYQQQFQSQMQAQLFQSQSQKFKDEHQRKINFRFQDGVIALPAGVAHWVCYNDGVEPVVAA
 IYUDDINNAANQLDPQRDFDLLAGNRMSPYQAYRVEVNGSQISGFSALLESALGJITGARVQLCQNDQRGEVIRVEHGLSLQPYASLQES
 QEQQEQEPPRERYQVTOHQQSQVGGGCSNGLDETFCAMRWVQYDINPNPLADTYNPRAGRYTNLSNQKFPILNLIQMSAVKVNLYQNALLSP
 FWNINSHSVVYVYTGCARVQVNNNGKTVFNGELRGLLIIPQHYVVVVKKAQREGCIAYIAFTNPNSMVSHVIGKSSIFRALPTDVLNAY
 RISRDEAQLRKHNRGDEGAFPTLPQKSYQDSSVAAS[SEQ ID 541]

P29835 (벼)

>gi|226508602|ref|NP_001152635.1| 글로불린 전구체 [제아 메이스] >gi|195658363|gb|ACG48649.1| 글로불린 전구체 [제아 메이스]

MAKIAAAAAAAAAALCFAALVAVAVCQGEVERQRLRLDLQCWQEVQESPLDACRQVLDRQLTGGVGPPFRWGTGLRMRCCQQLQDVSR
CRCAAIRSMVRGYEAMPPLEKGWWPWGRQQQPPQGGGGGGGGYYYPCSRAGEGYQTQMYPPCRPGTTGPRIGRVRLTKAREYAAGL
PMMCRLSEPQECISFGGDQY[SEQ ID 542]

>gi|242090997|ref|XP_002441331.1| 가설 단백질 SORBIDRAFT_09g024570 [소르굼 비콜로르]

>gi|241946616|gb|EES19761.1| 가설 단백질 SORBIDRAFT_09g024570 [소르굼 비콜로르]

MAKIAAATAALCLAAALVAVGQGVVERQLKDLQCWQEVQENPLGACRQVLDRLQTGGMRYGIPFWRGTGLMRCCQLQDVSR
ECRCAAIRSMVRGYEETMPPLEKGWWGQQPQPGYDPPCSQAGEGYGESGQQQMYPPCRPTGTGQKIARVLTARQYAAGMPMMCR
LSEPQECVFSGGDQQY[SEQ ID 543]

>gi|514748428|ref|XP_004961615.1| 예측: 19 kDa 글로불린-유사 [세타리아 이탈리아]

MAKFVVAATAALCLAAVLVAMAGQSGFERQLRLDRCQREVEENPLWACRQVLDRQLTGGMRVYGVPFRWGTGLMRCCQLQDV
RECRCSAVRRMVRGYEAMPPLLEEGPYGGEGEGEGYGGEGEGGLPFPRRIGRVRLTKARQYAAGLPMMCRLEPQECVSFGDQYK
[SEQ ID 544]

POC1U8 (박테리아) GLUC (스타필로코쿠스 아우레우스)

>gi|446599182|ref|WP_000676528.1| 클루타밀 엔도펩티다제 [스타필로코쿠스 아우레우스]

>gi|253729369|gb|EE598098.1| 트립신 [스타필로코쿠스 아우레우스 아종 아우레우스 TCH130]

>gi|341844549|gb|EGS85761.1| 클루타밀 엔도펩티다제 [스타필로코쿠스 아우레우스 아종 아우레우스 21259]

>gi|537390486|gb|AGU61109.1| 클루타밀 엔도펩티다제 전구체 [스타필로코쿠스 아우레우스 아종 아우레우스 CN1]

>gi|564714561|gb|ETD14665.1| 글루타밀 엔도펩티다제 [스타필로코쿠스 아우레우스 아종 아우레우스 KPL1845]

>gi|577466329|gb|EUG79766.1| 글루타밀 엔도펩티다제 [스타펠로코쿠스 아우레우스 M0139]

>gi|580560623|gb|EVF84961.1| 글루타밀 엔도펩티다제 [스타필로코쿠스 아우레우스 COAS6020]

>gi|580687002|gb|EVH10169.1| 글루타밀 엔도펩티다제 [스타필로코쿠스 아우레우스 UCIM6080]

>gi|751815683|gb|KIN24957.1| 글루타밀 엔도펩티다제 [스타필로코쿠스 아우레우스 MRSA_CVM43477]

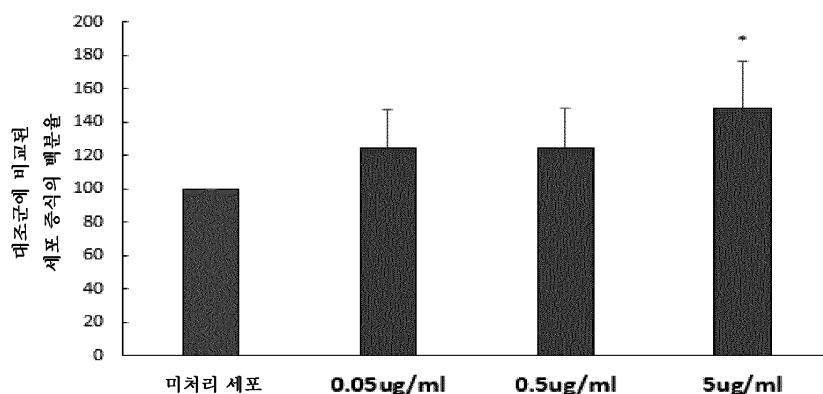
>gi|781884797|dbj|BAR08486.1| 글루타밀 엔도펩티다제 전구체 [스타필로코쿠스 아우레우스 아종 아우레우스]

>gi|781887762|dbj|BAR11210.1| 글루타밀 엔도펩티다제 전구체 [스타필로코쿠스 아우레우스 아종 아우레우스]

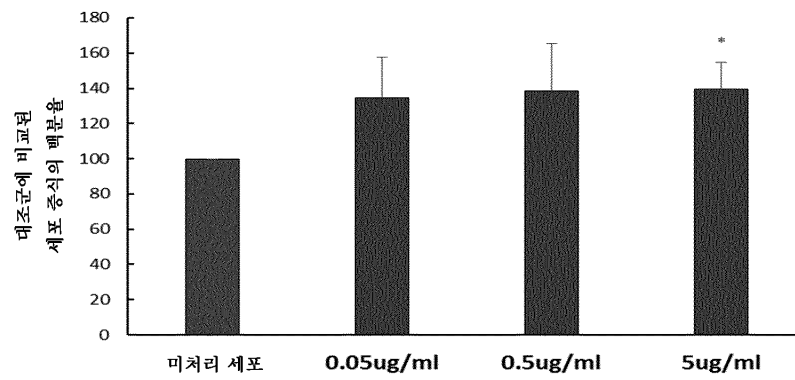
[illegible]

도면

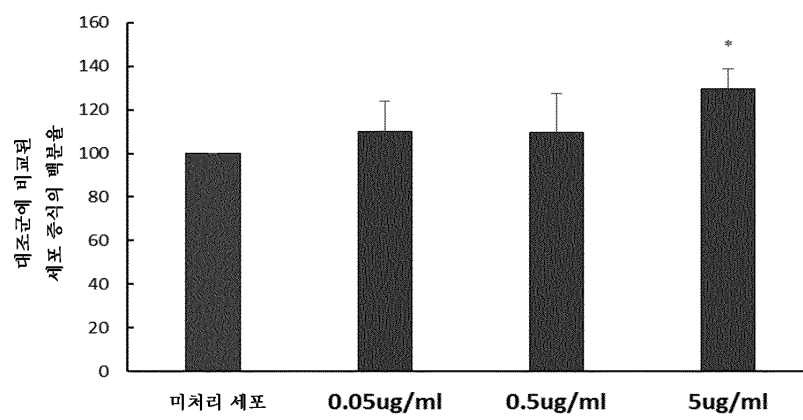
도면1



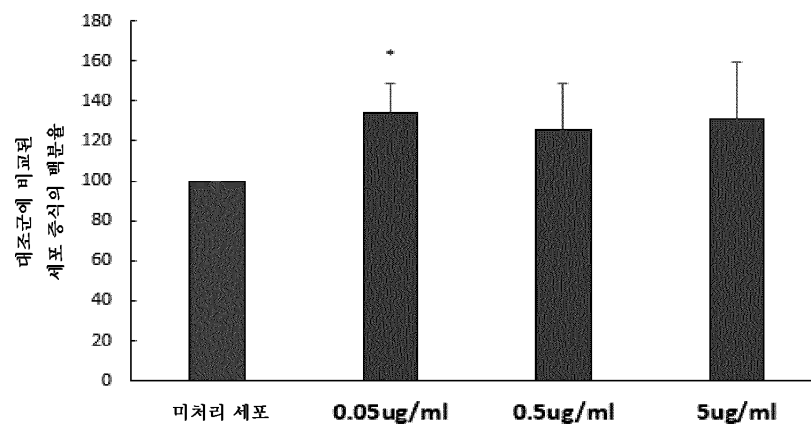
도면2



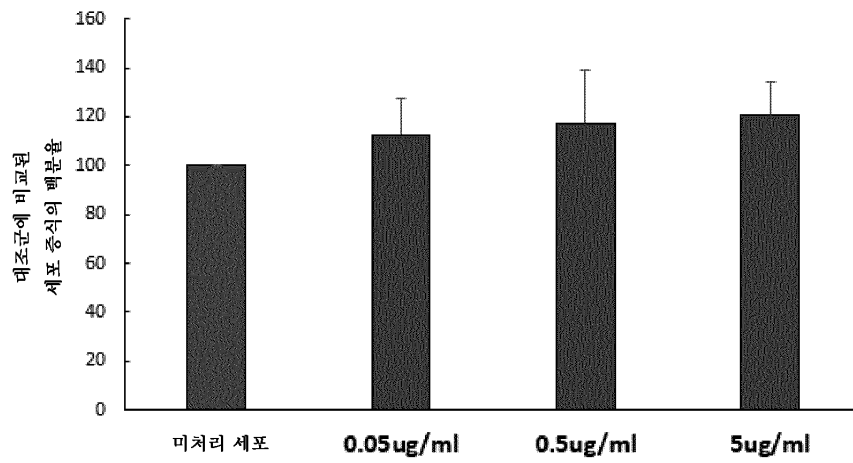
도면3



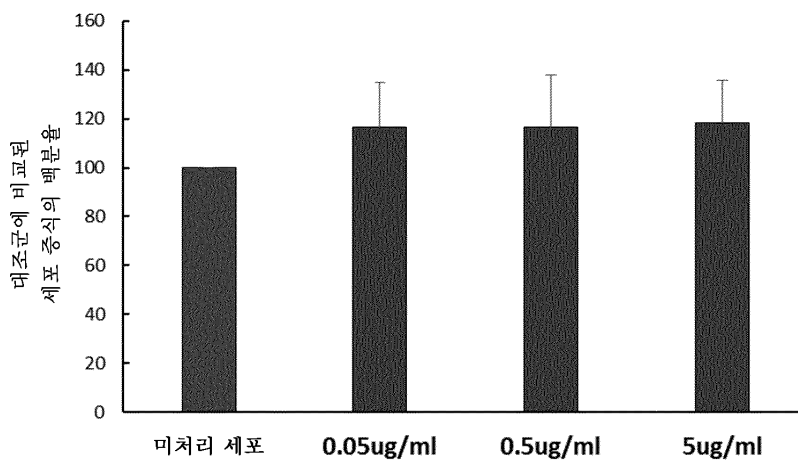
도면4



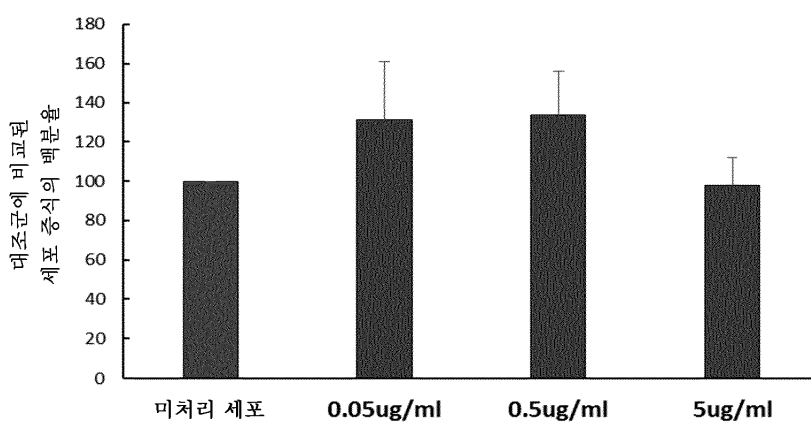
도면5



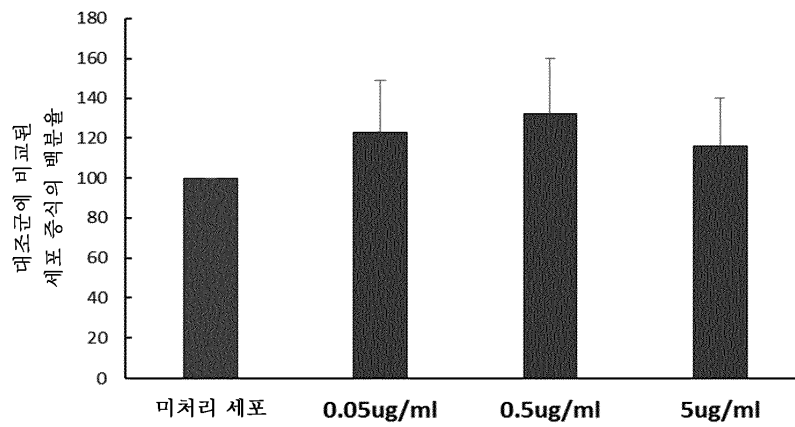
도면6



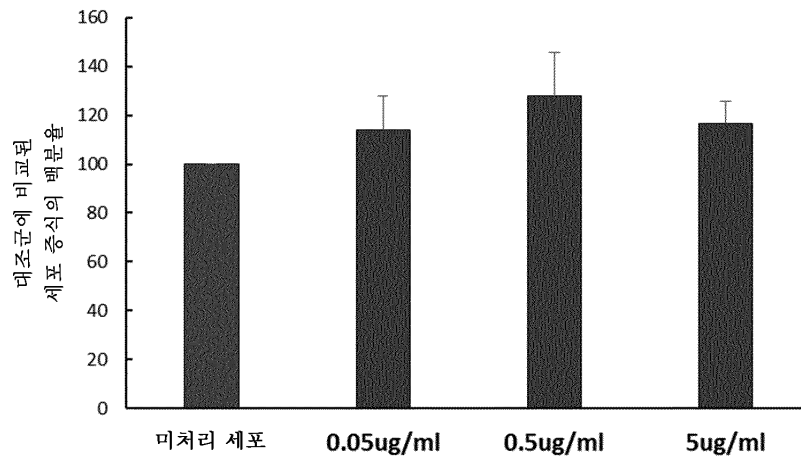
도면7



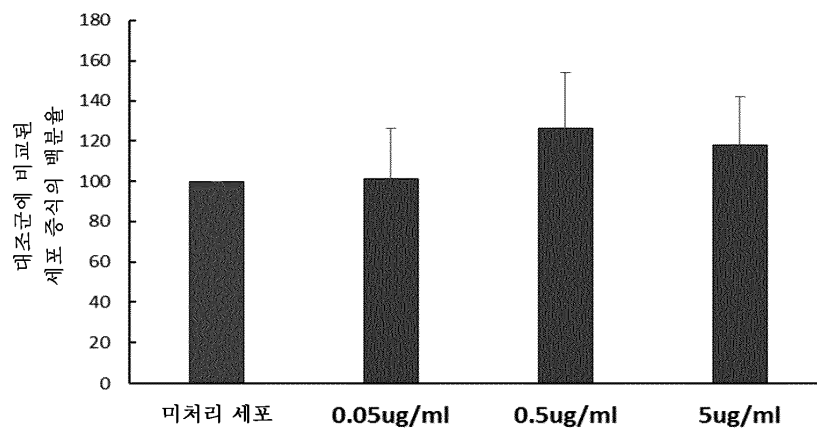
도면8



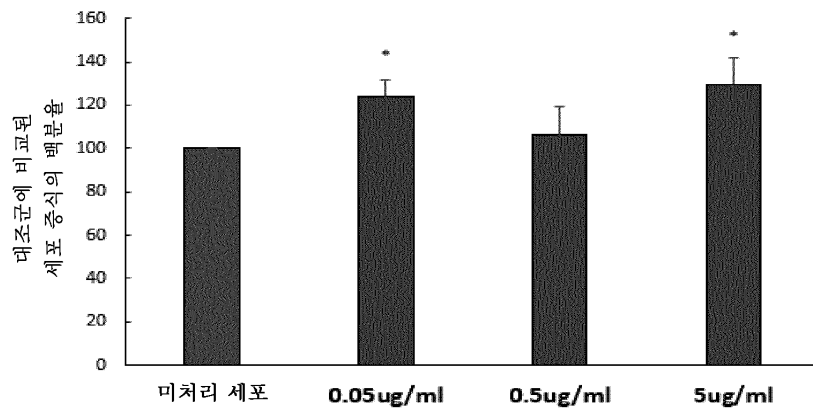
도면9



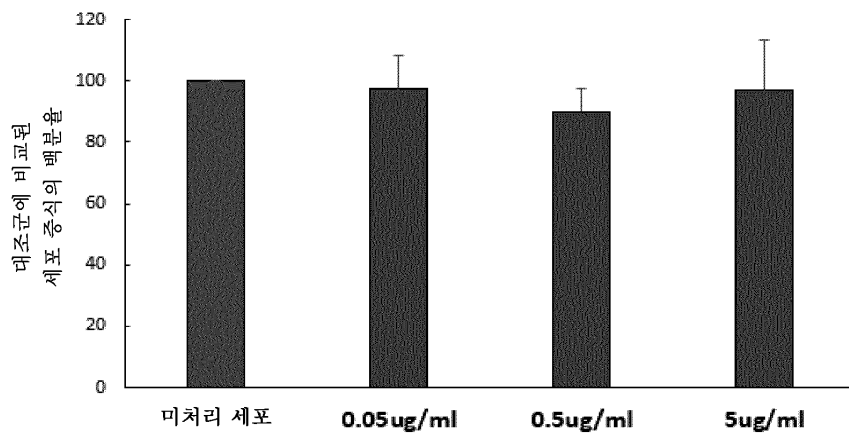
도면10



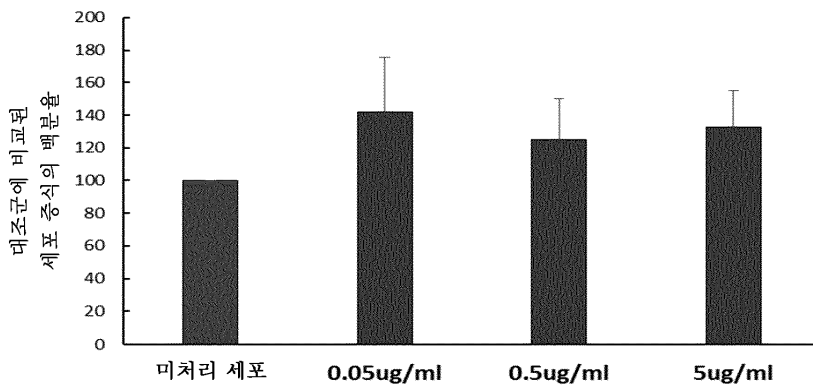
도면11



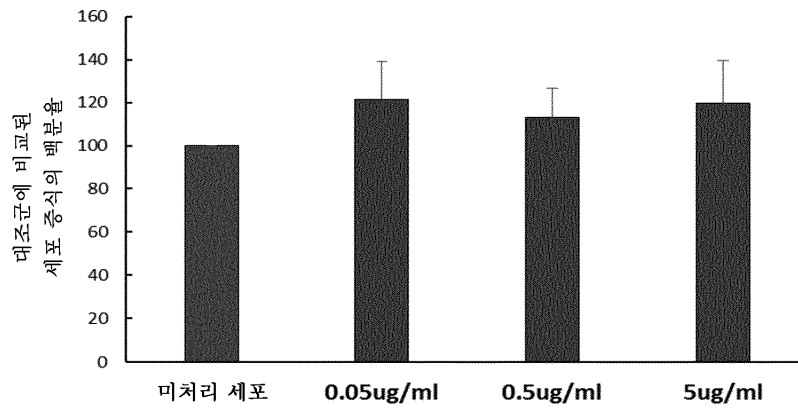
도면12



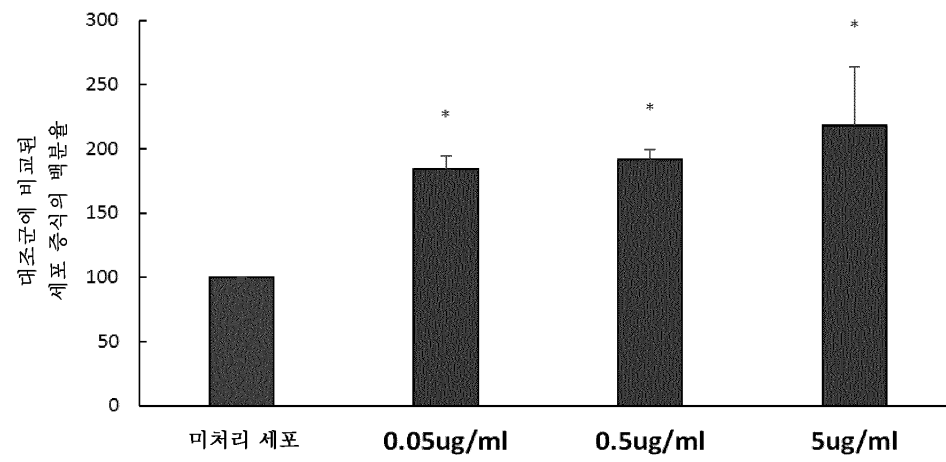
도면13



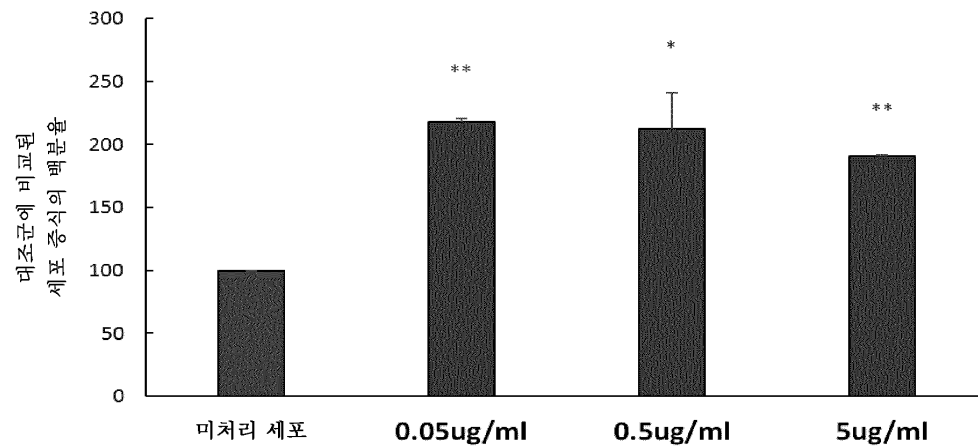
도면14



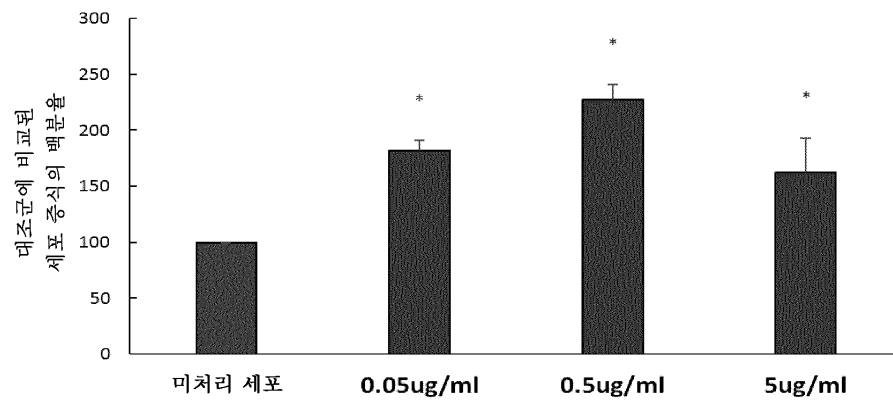
도면15



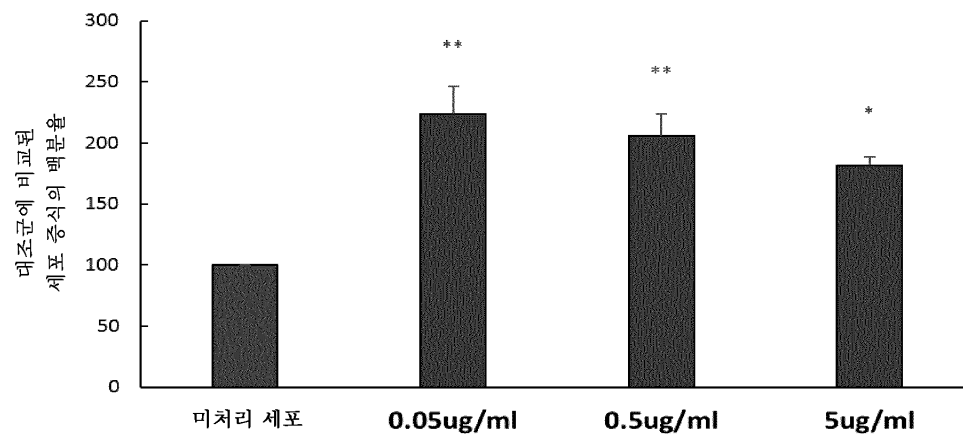
도면16



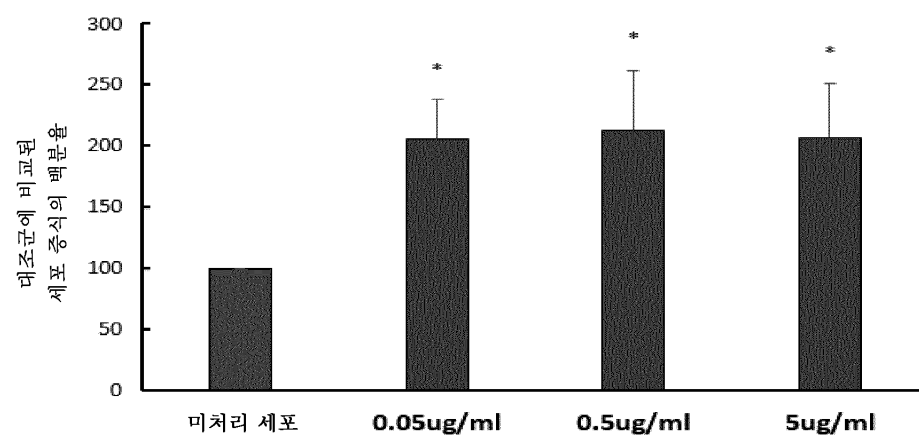
도면17



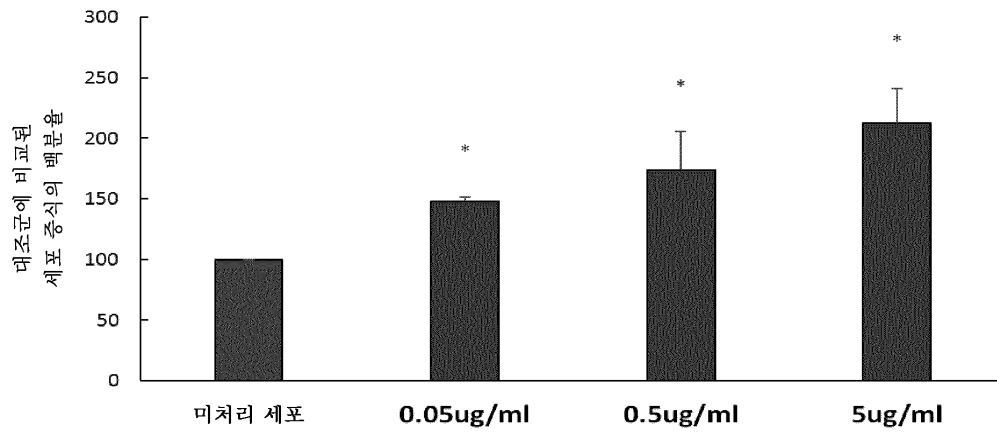
도면18



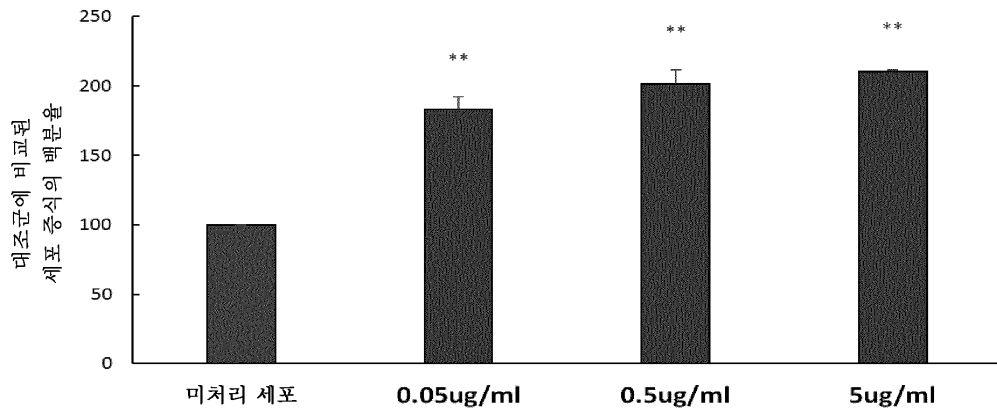
도면19



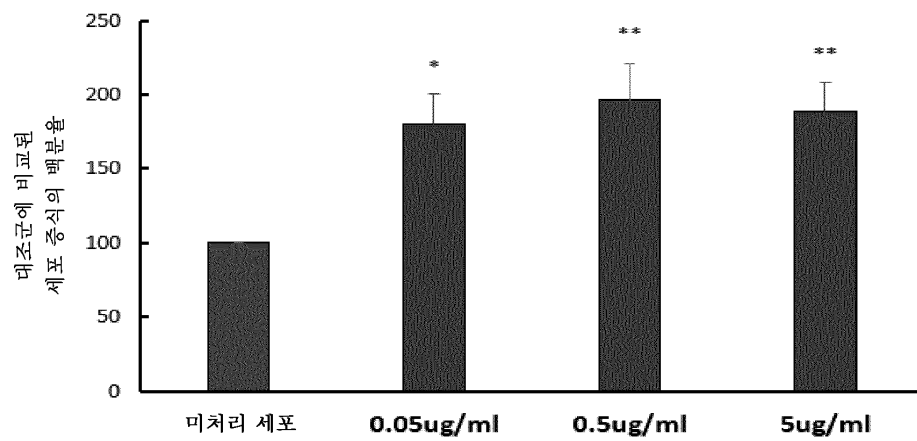
도면20



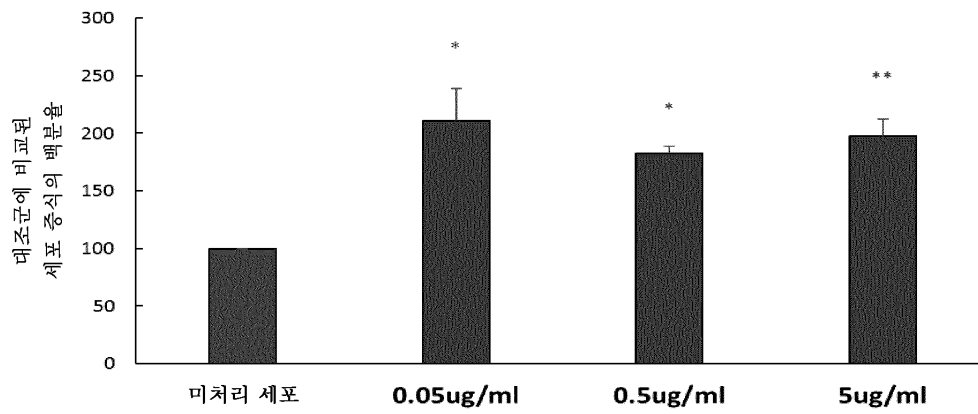
도면21



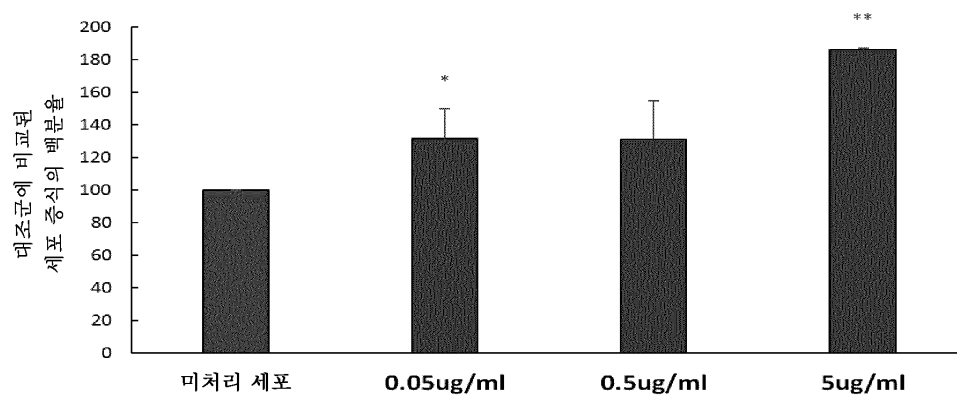
도면22



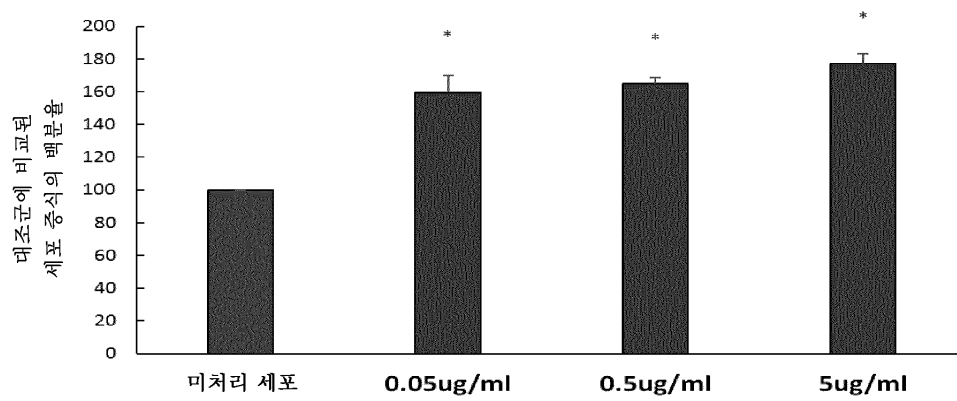
도면23



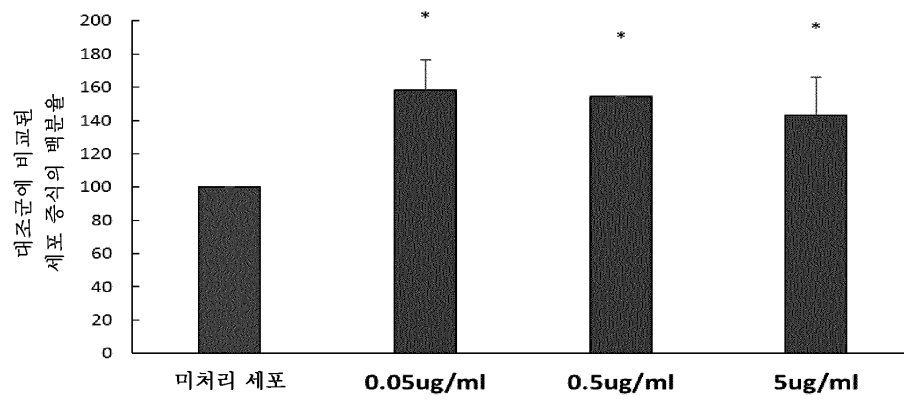
도면24



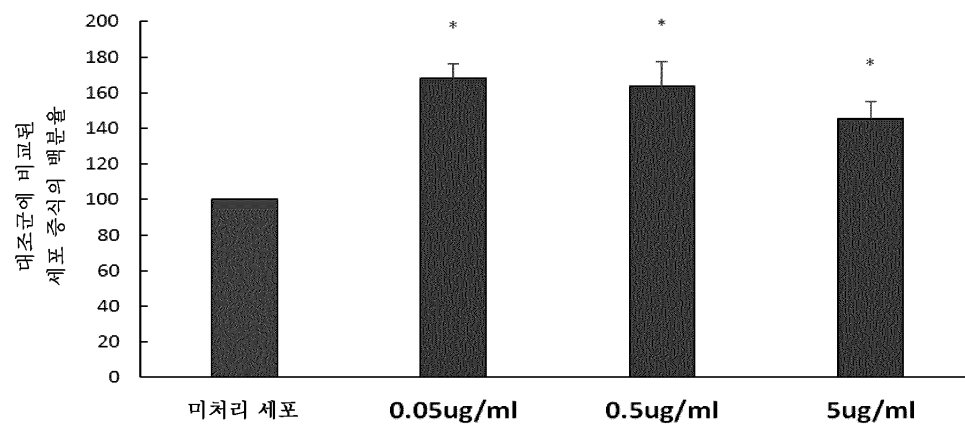
도면25



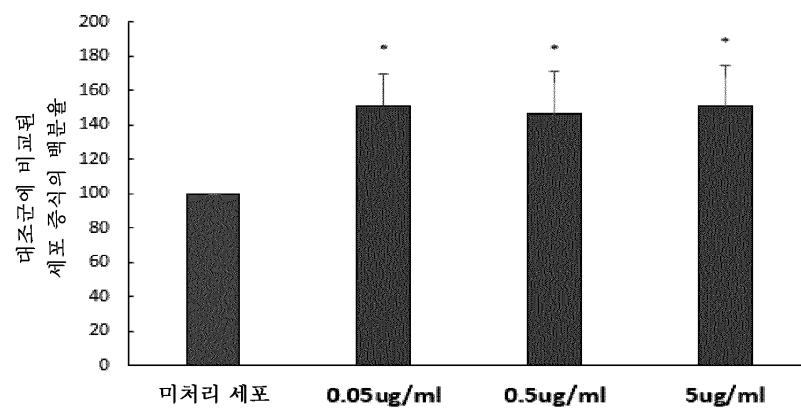
도면26



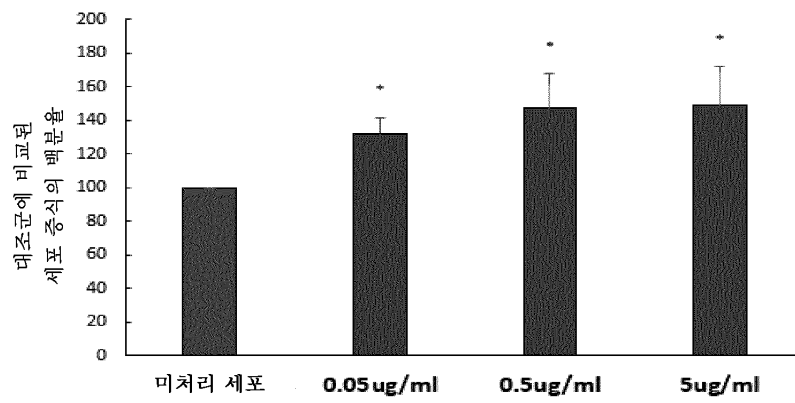
도면27



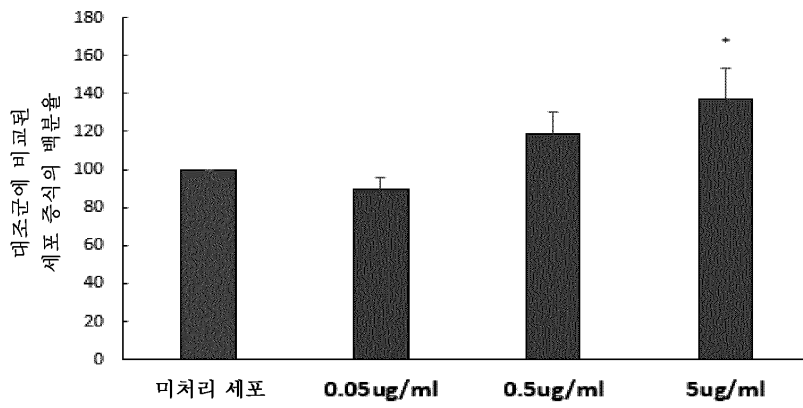
도면28



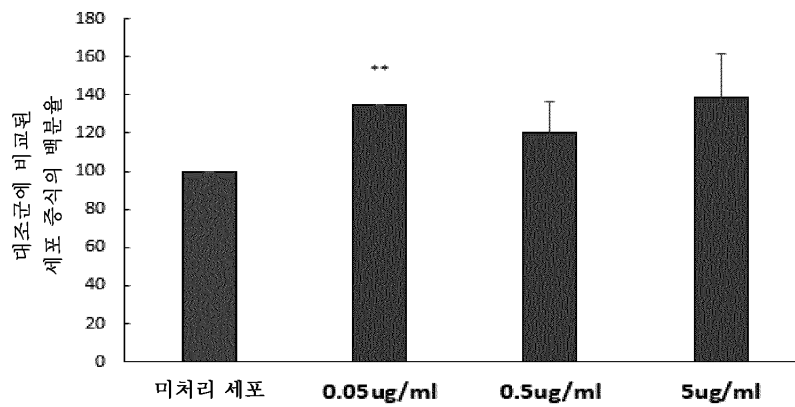
도면29



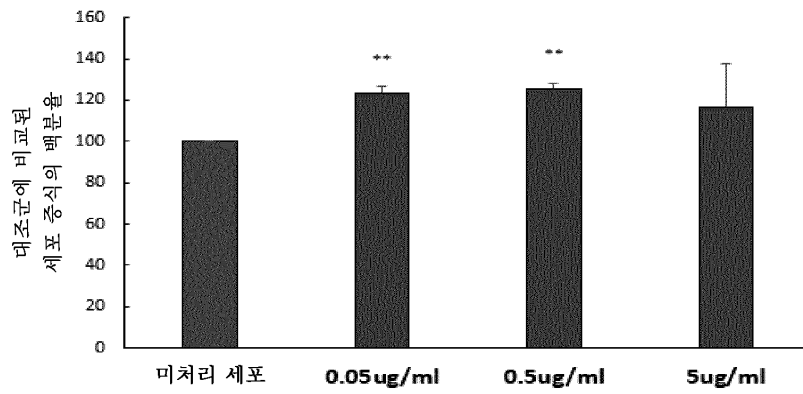
도면30



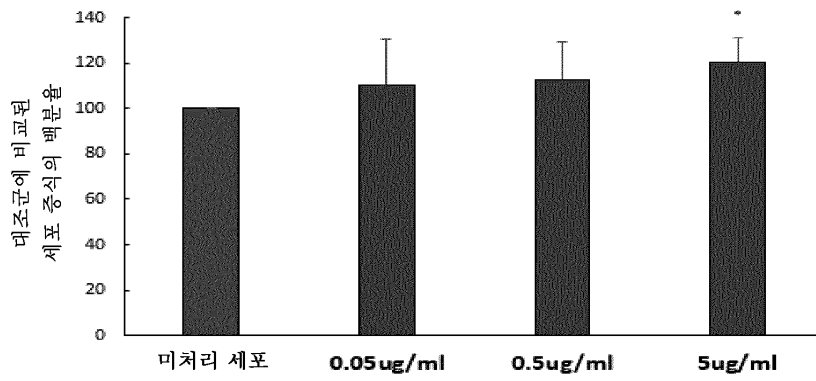
도면31



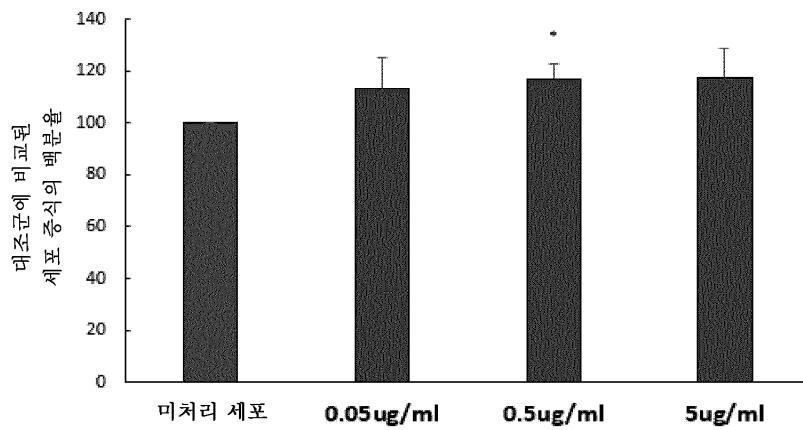
도면32



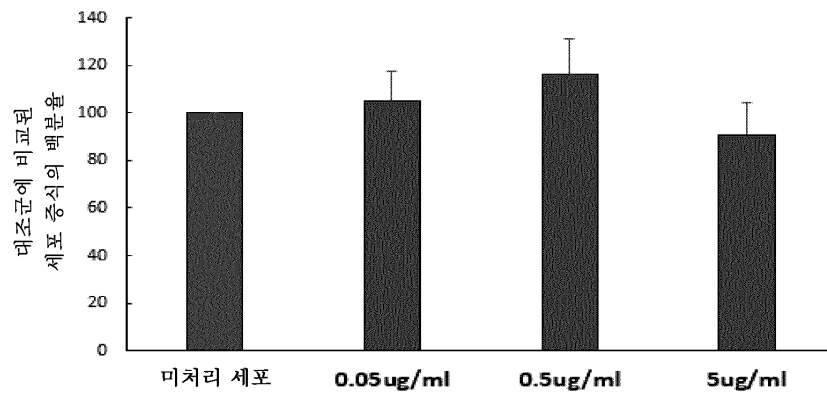
도면33



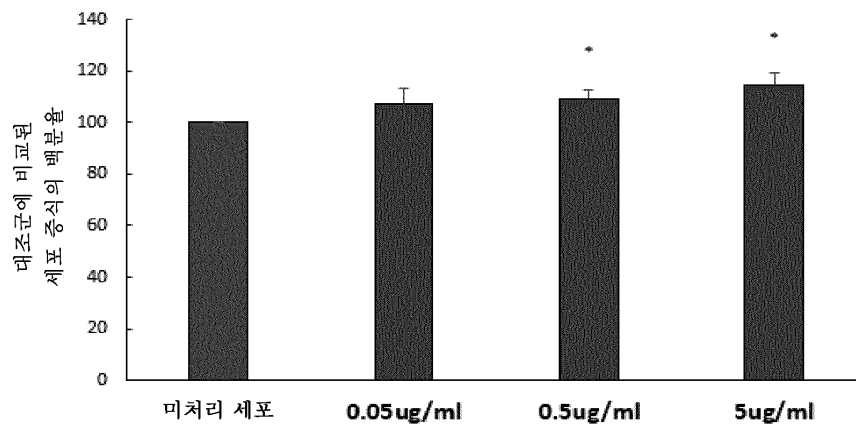
도면34



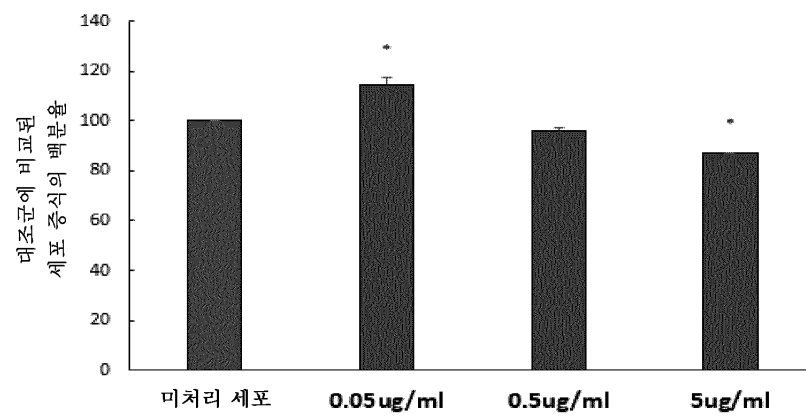
도면35



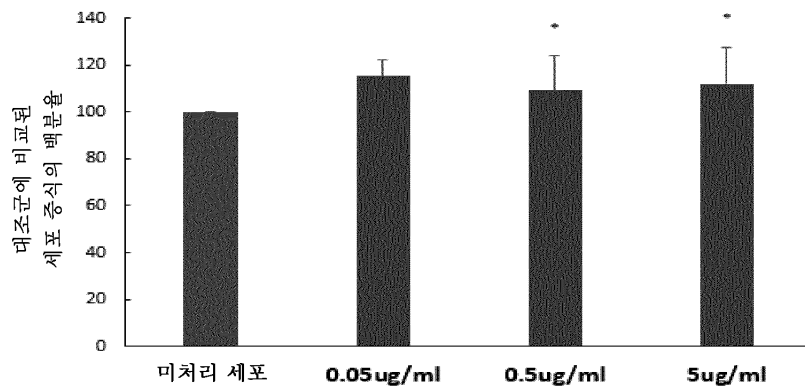
도면36



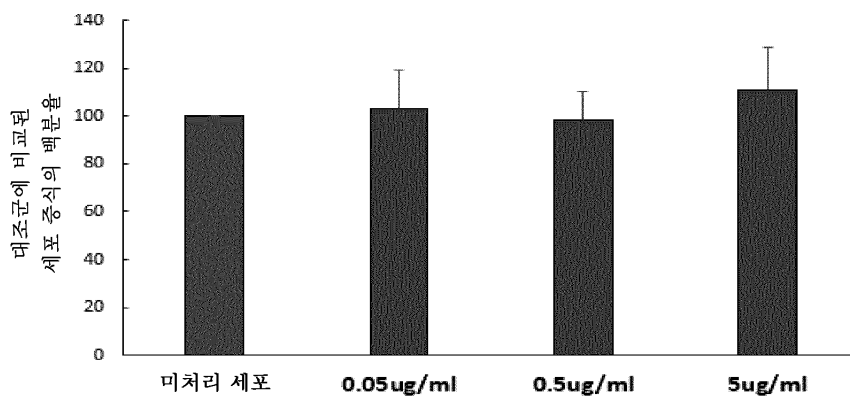
도면37



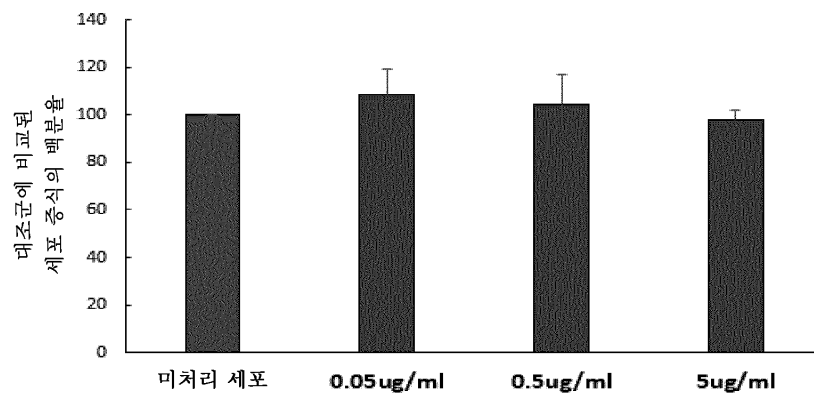
도면38



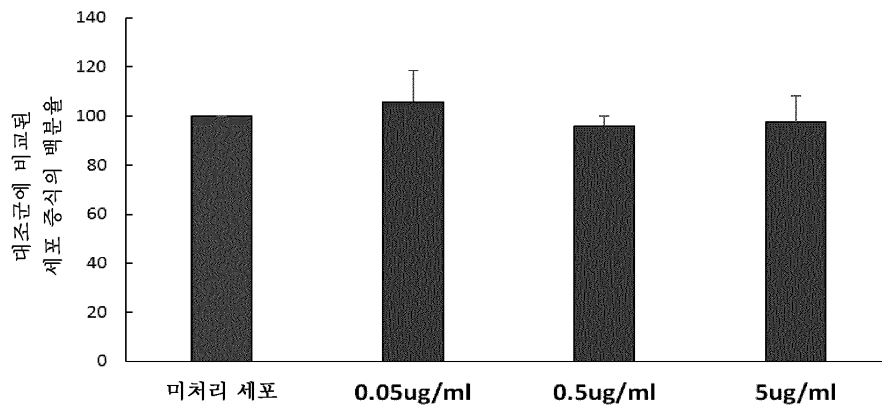
도면39



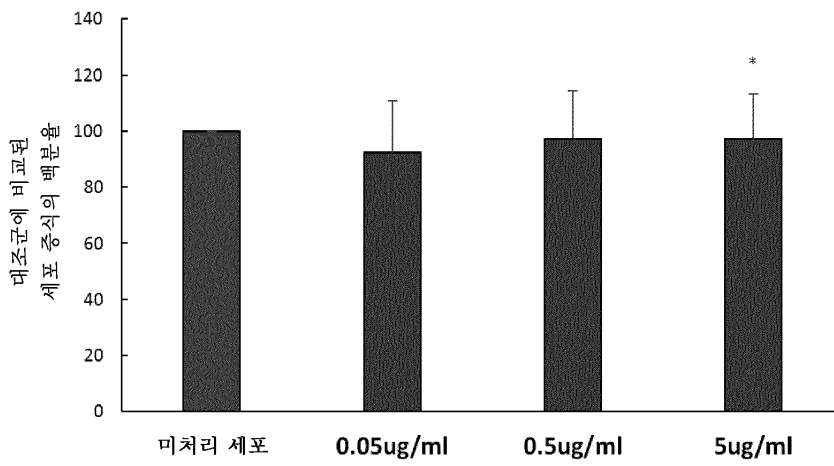
도면40



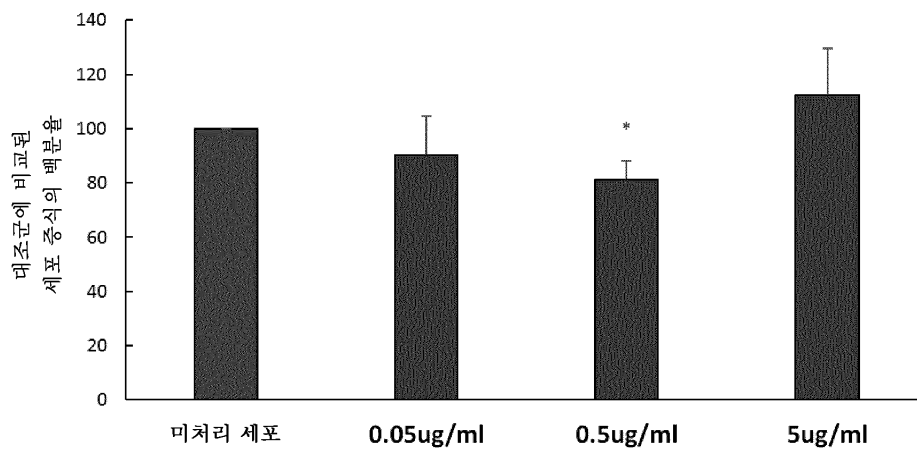
도면41



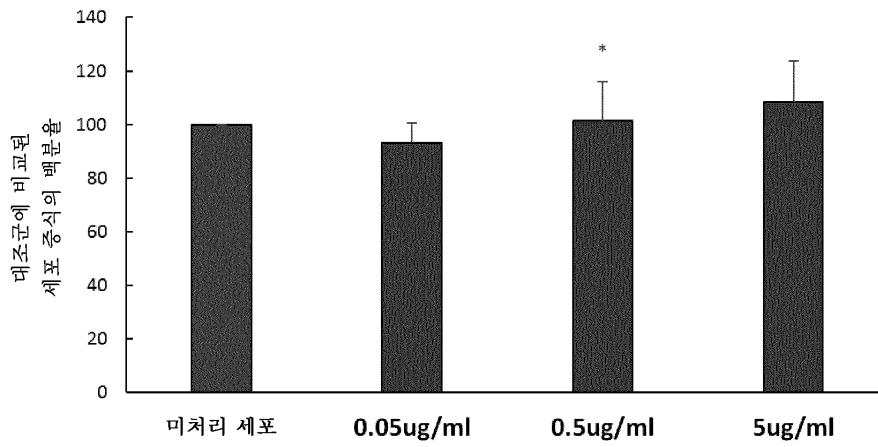
도면42



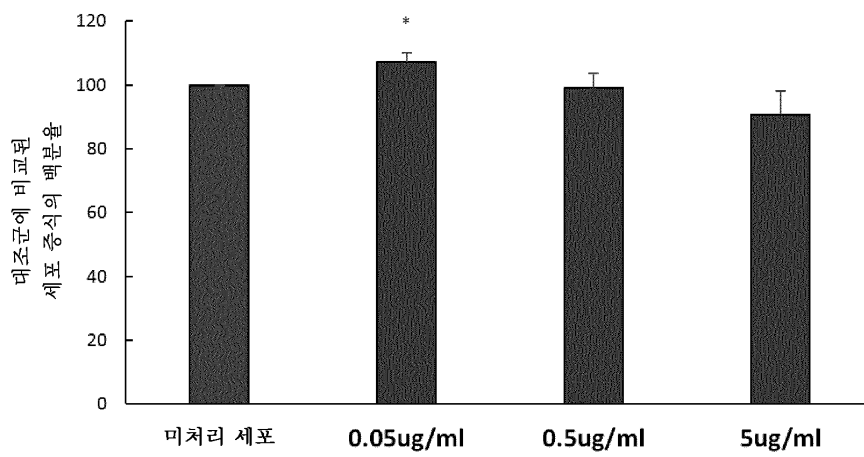
도면43



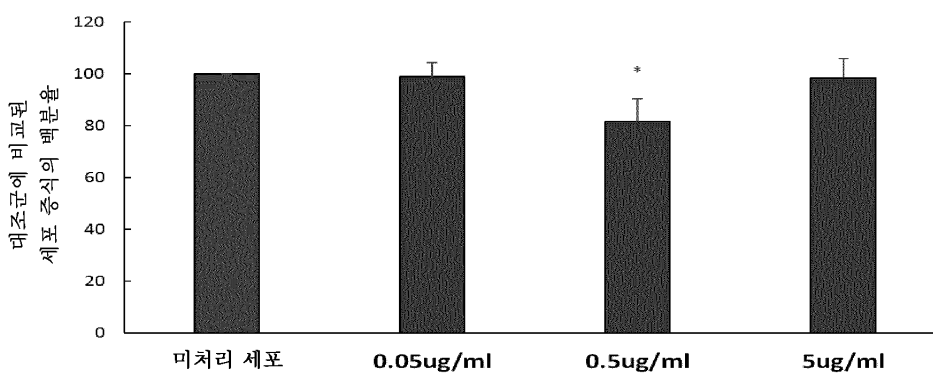
도면44



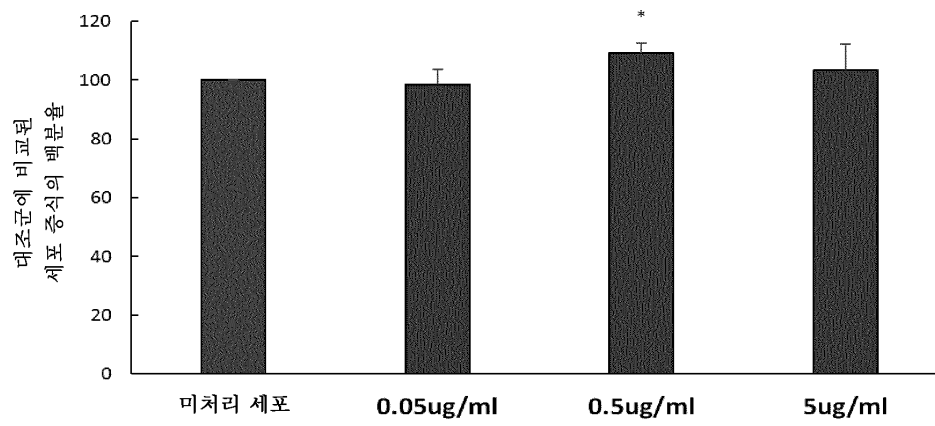
도면45



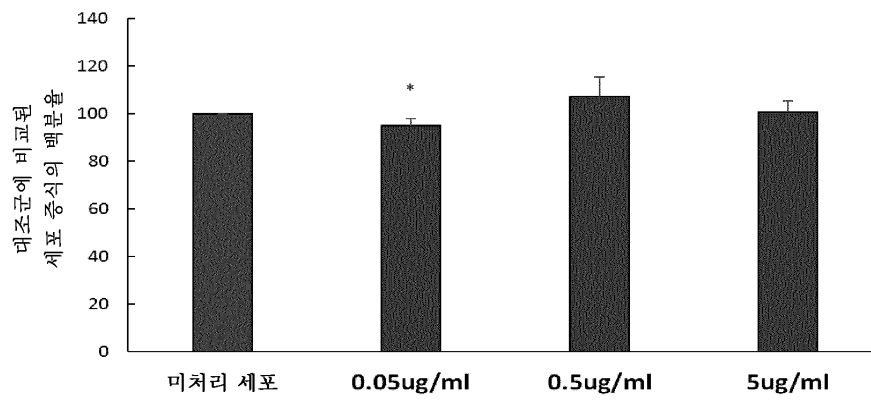
도면46



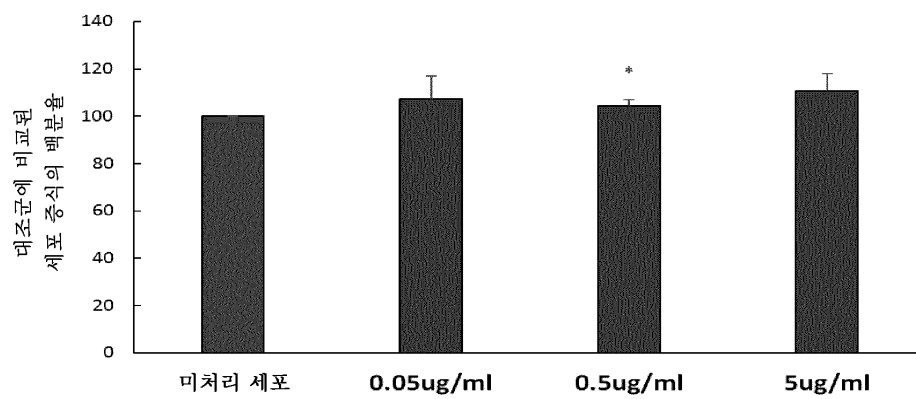
도면47



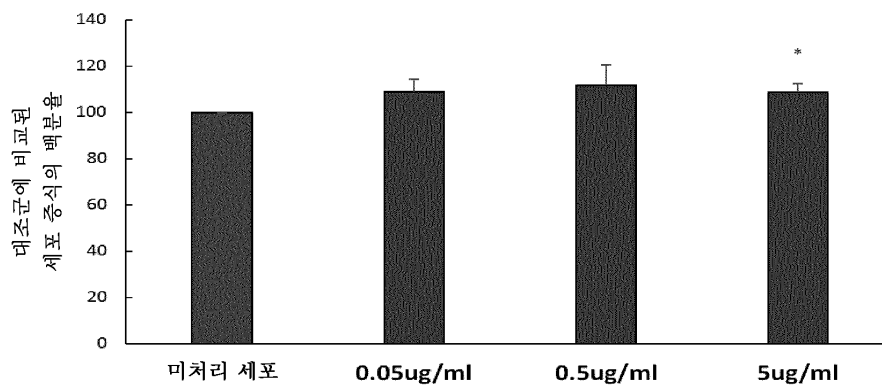
도면48



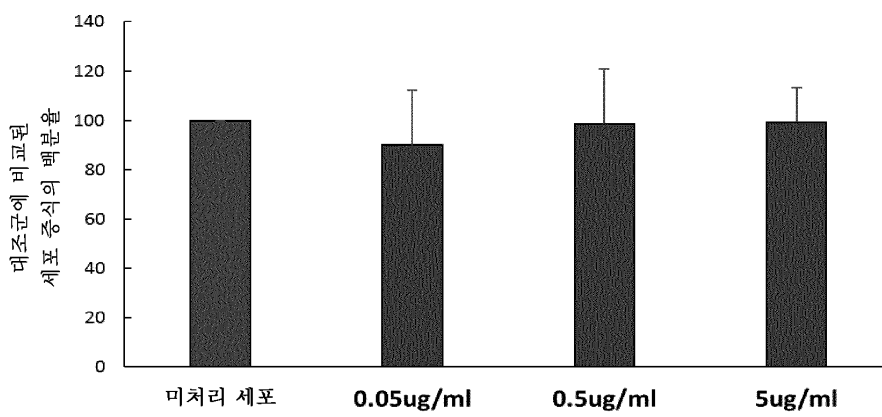
도면49



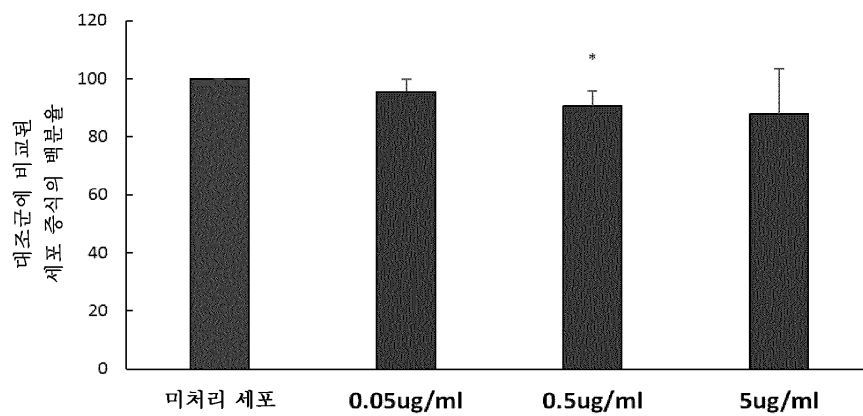
도면50



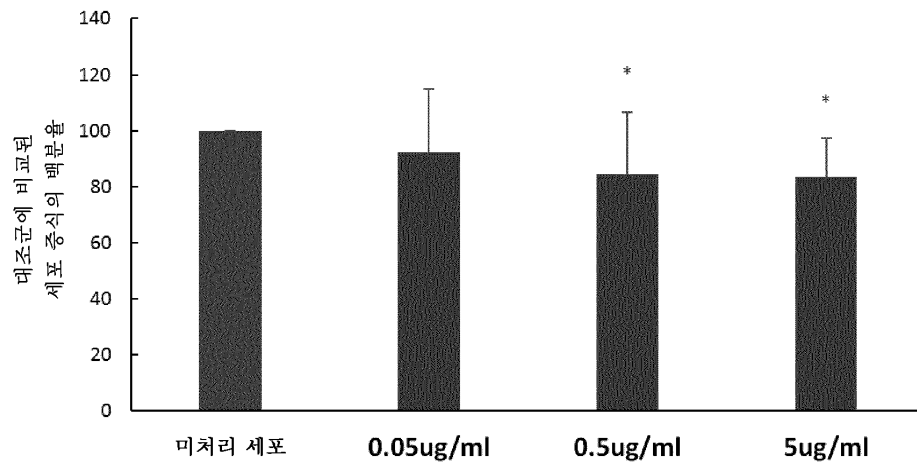
도면51



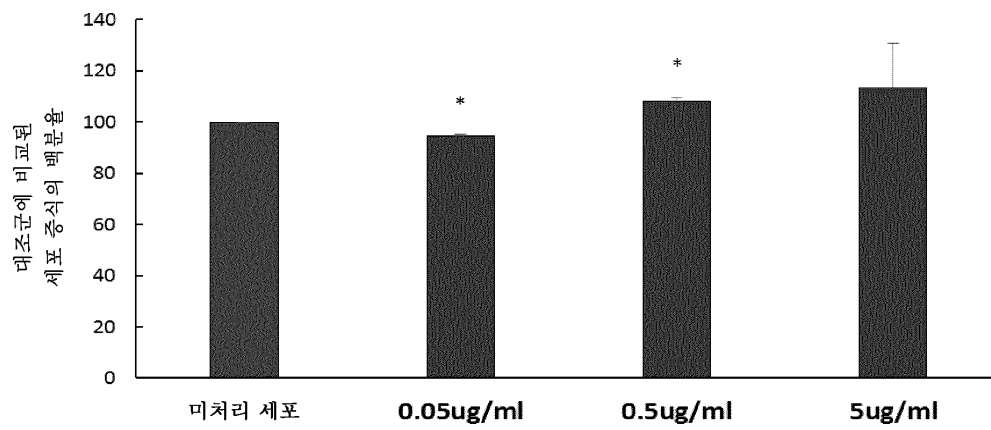
도면52



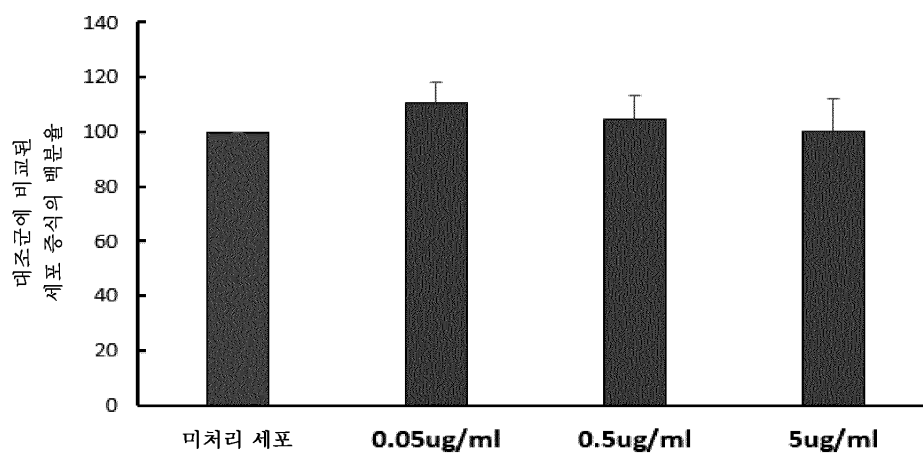
도면53



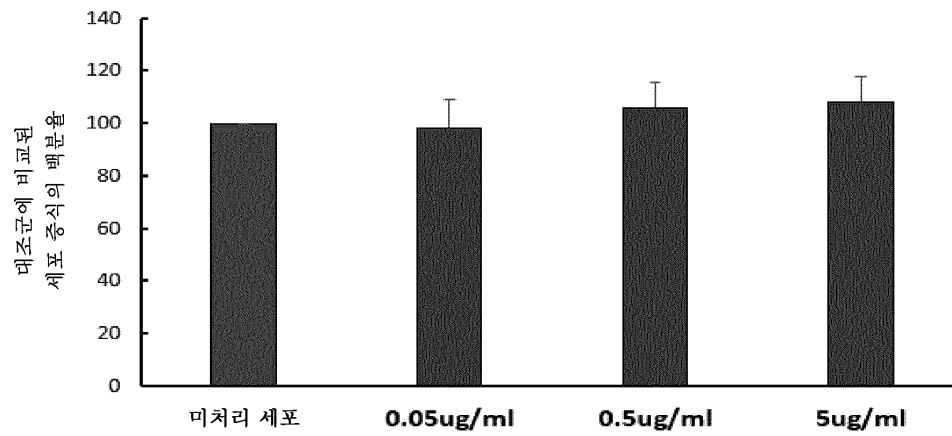
도면54



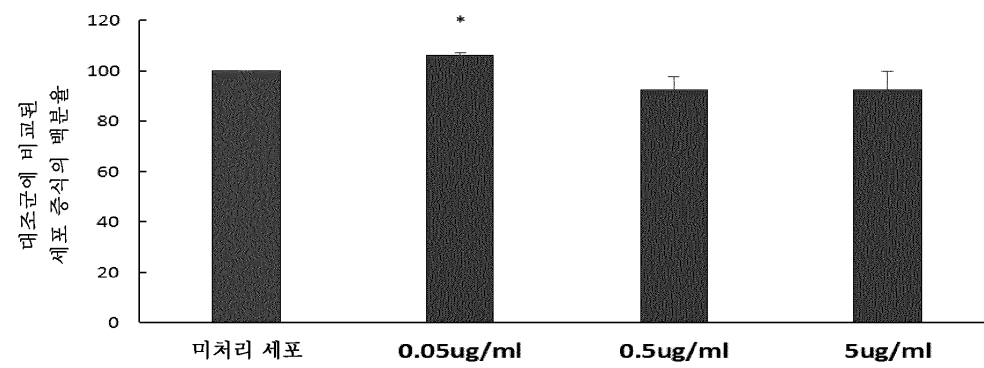
도면55



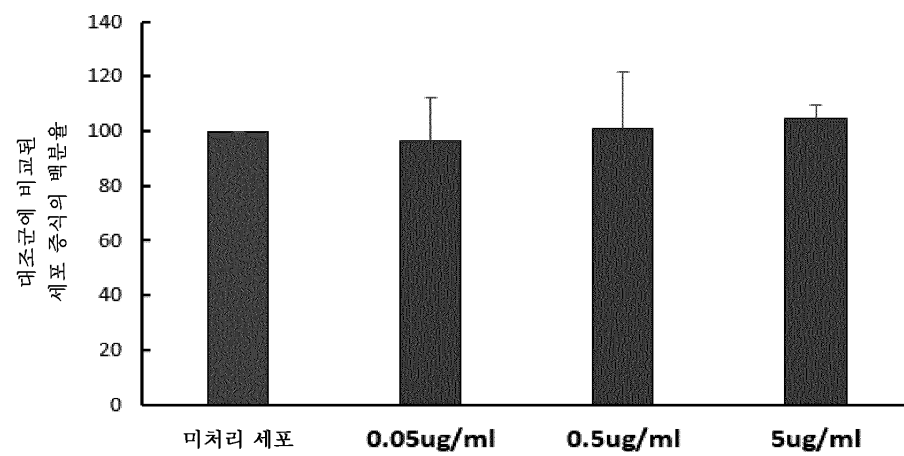
도면56



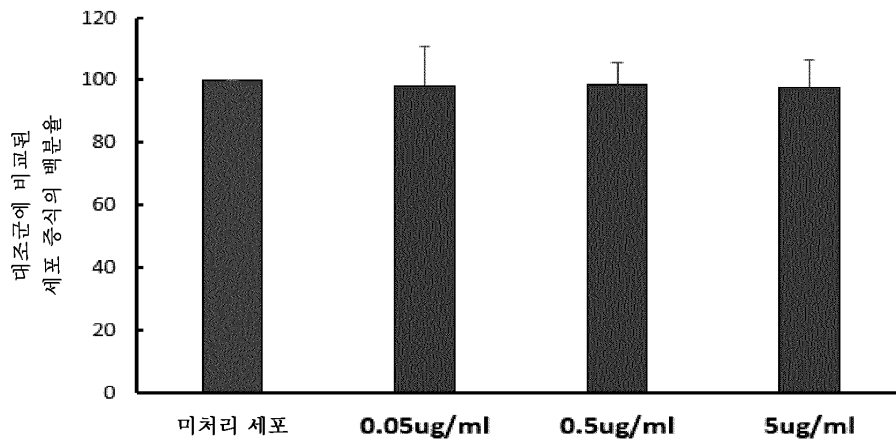
도면57



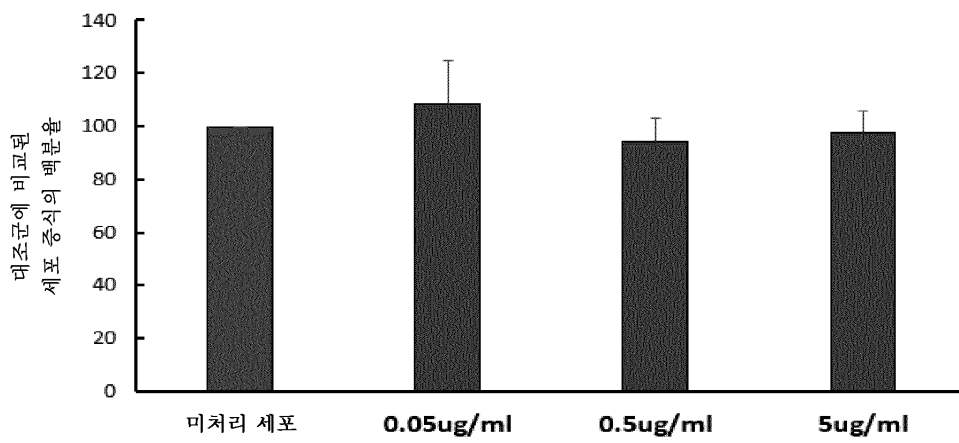
도면58



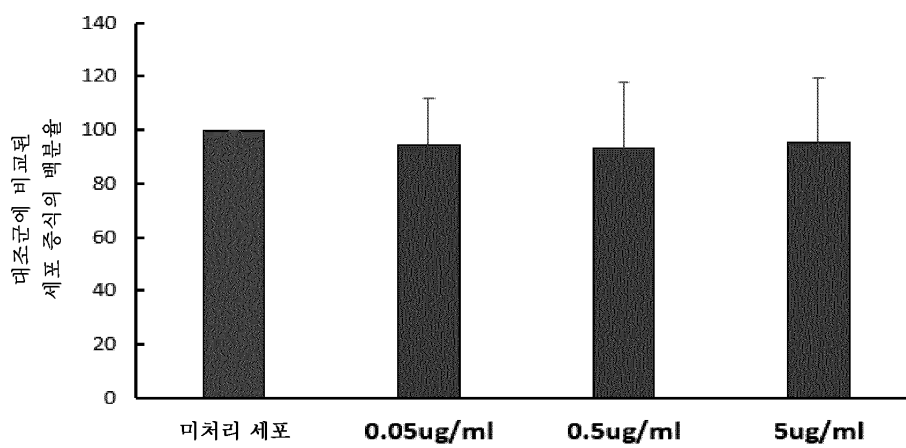
도면59



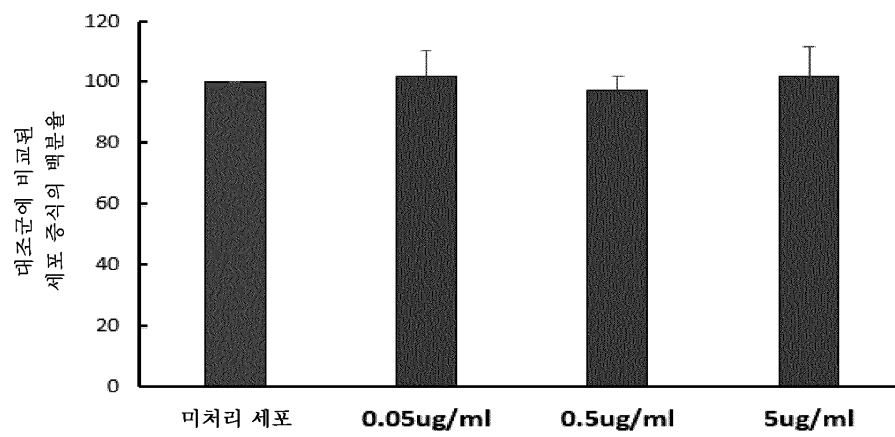
도면60



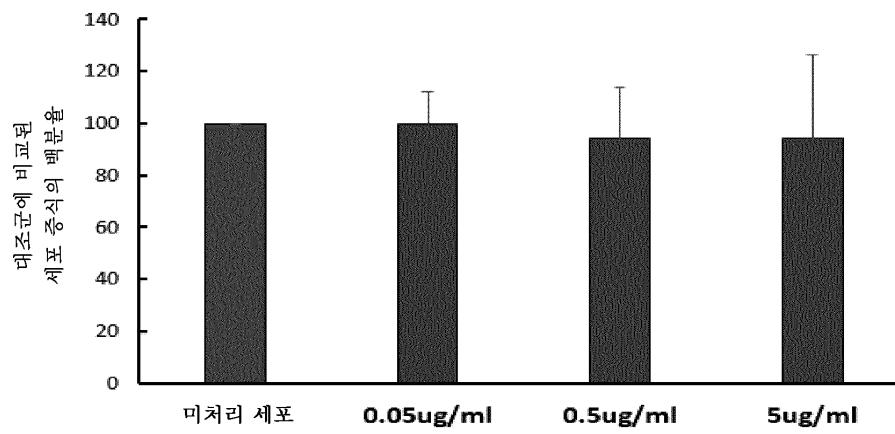
도면61



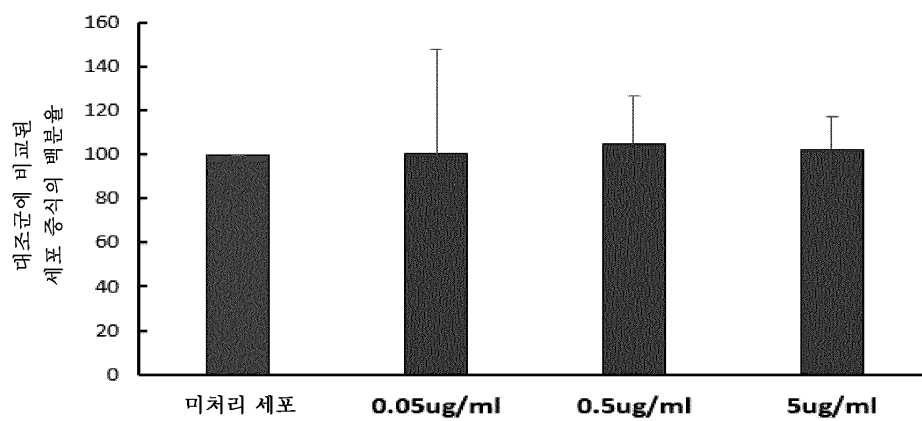
도면62



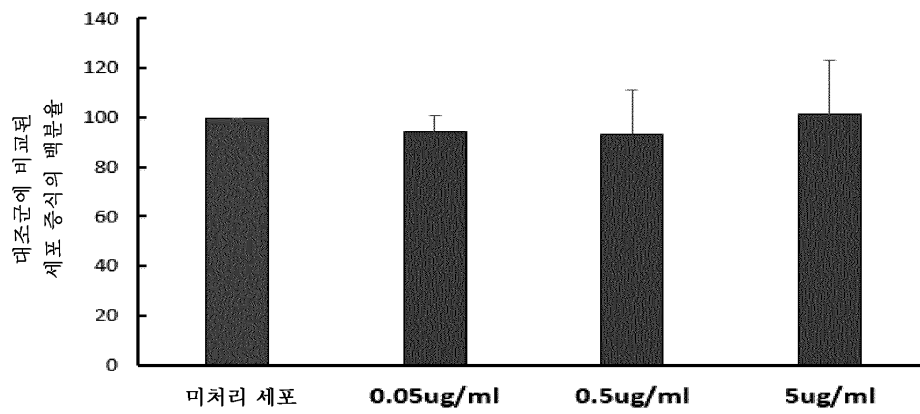
도면63



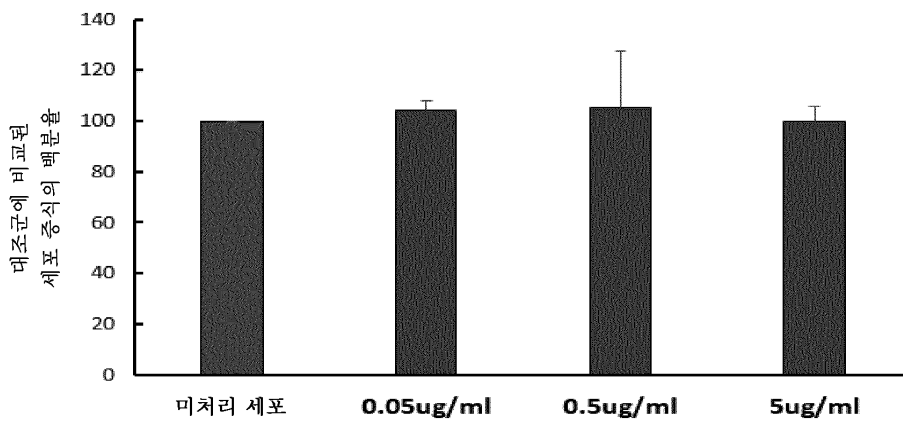
도면64



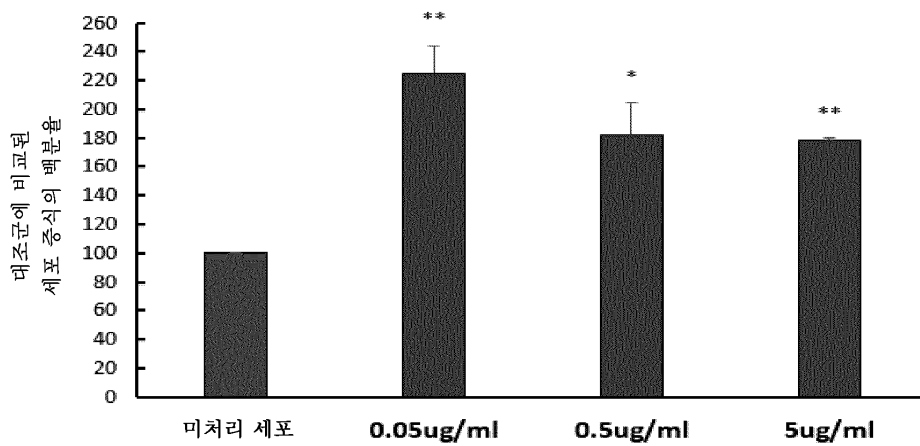
도면65



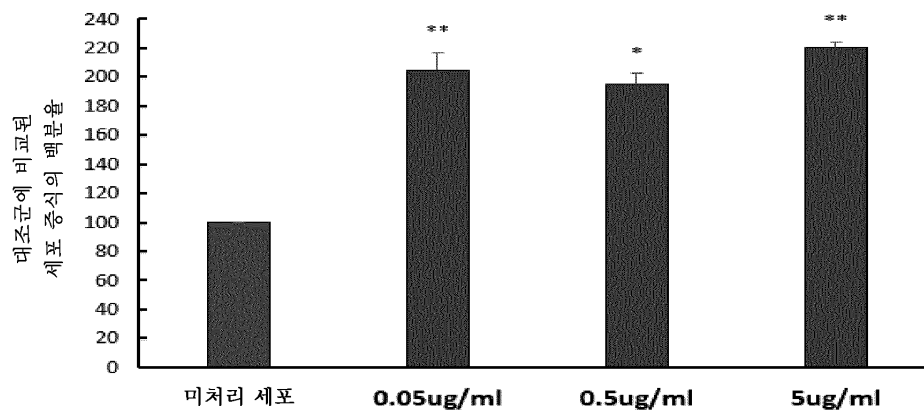
도면66



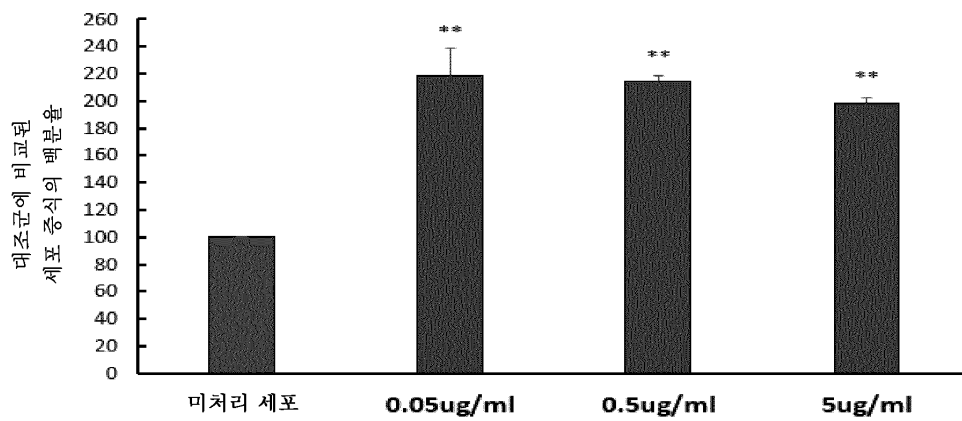
도면67



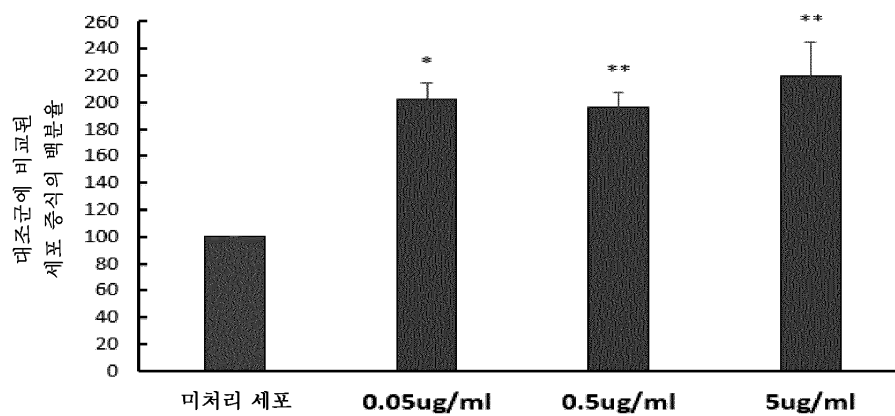
도면68



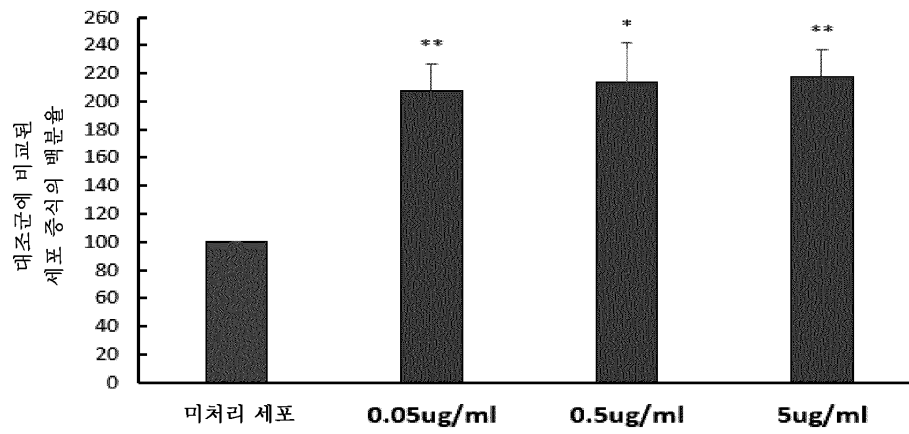
도면69



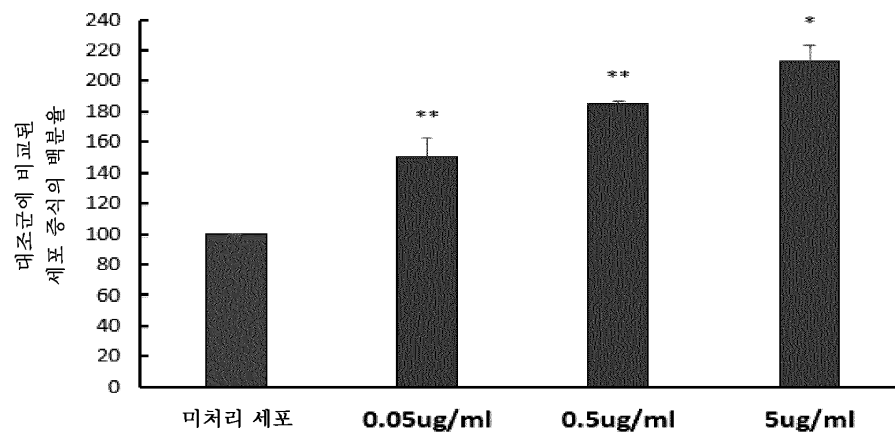
도면70



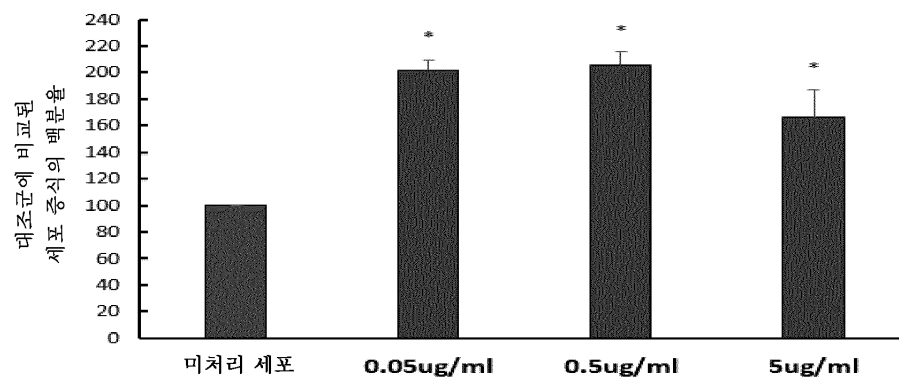
도면71



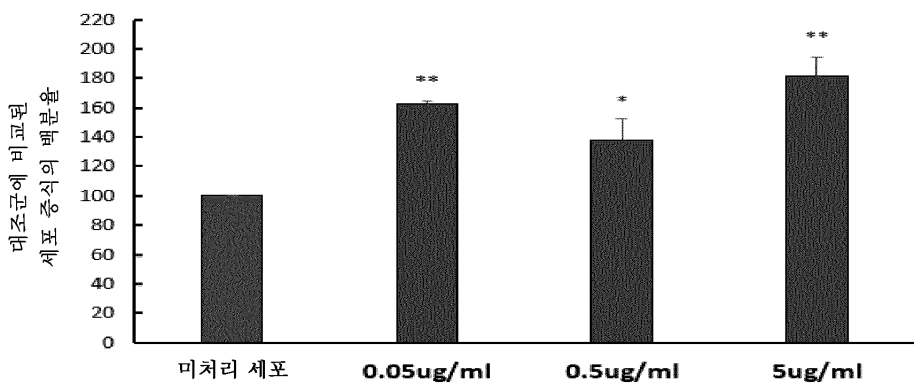
도면72



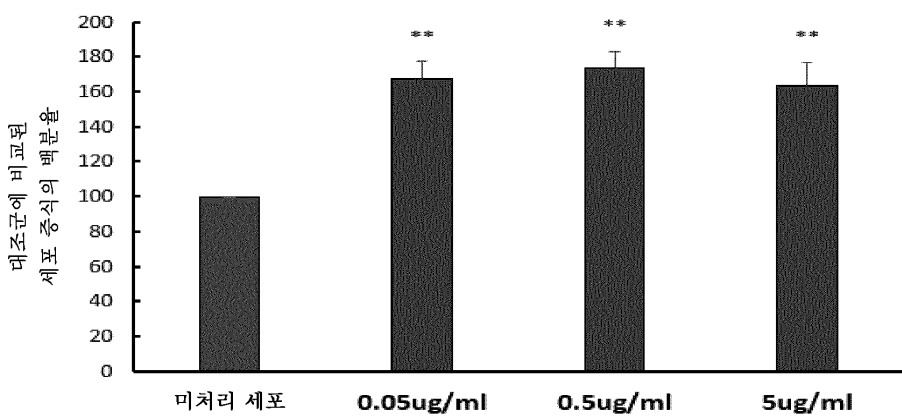
도면73



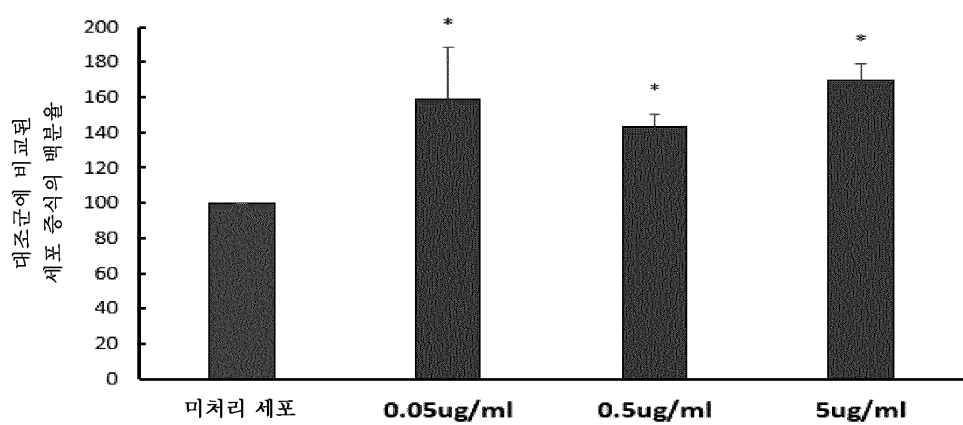
도면74



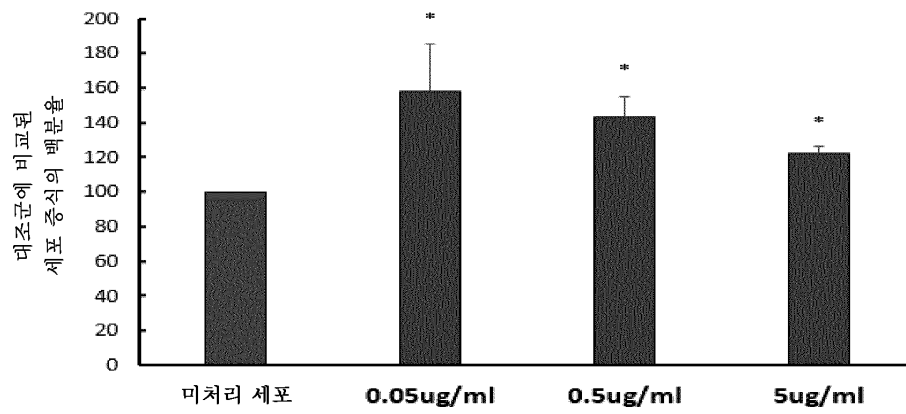
도면75



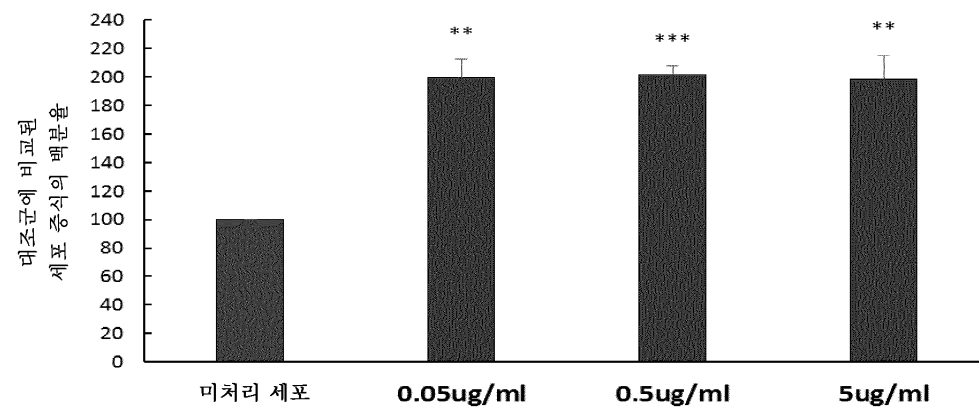
도면76



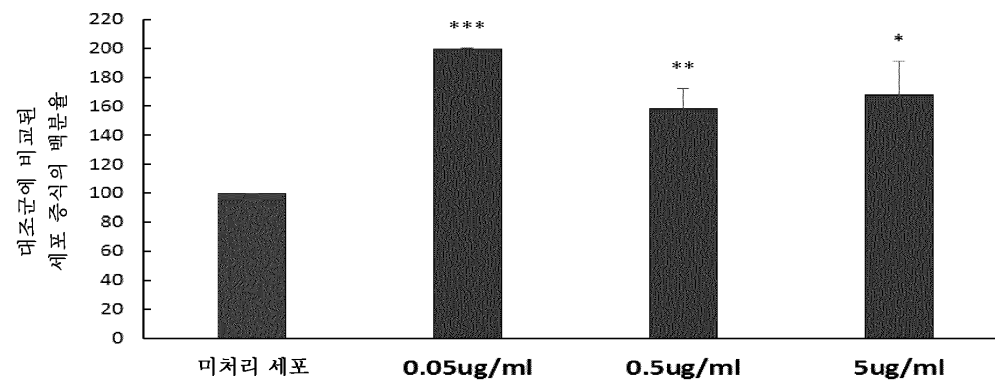
도면77



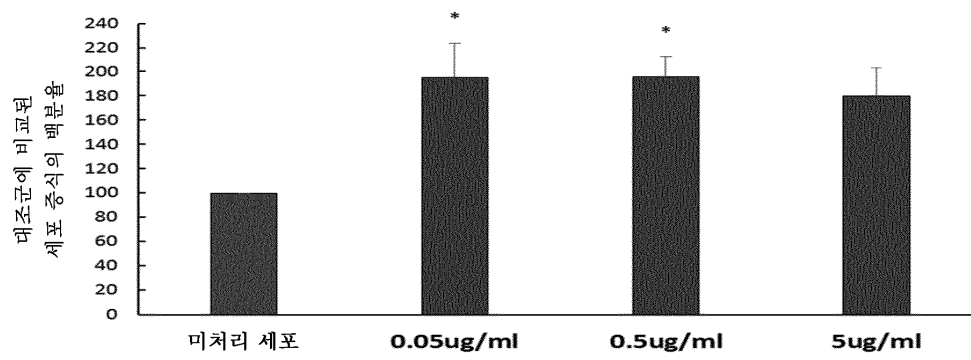
도면78



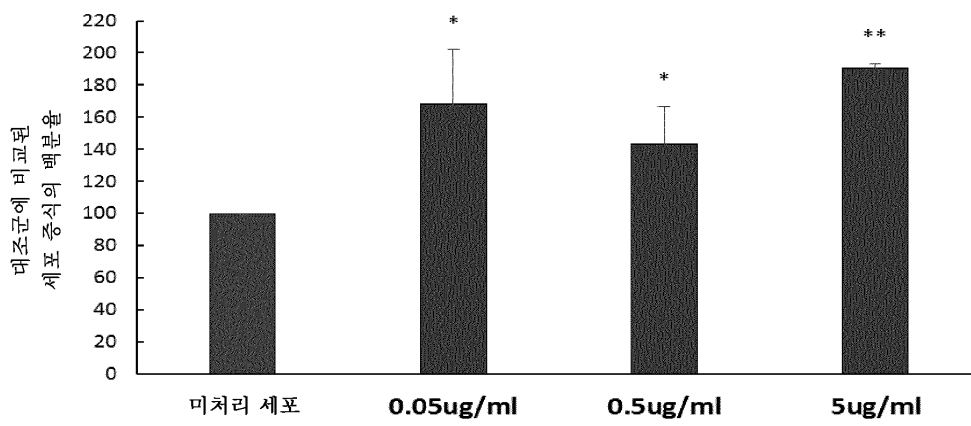
도면79



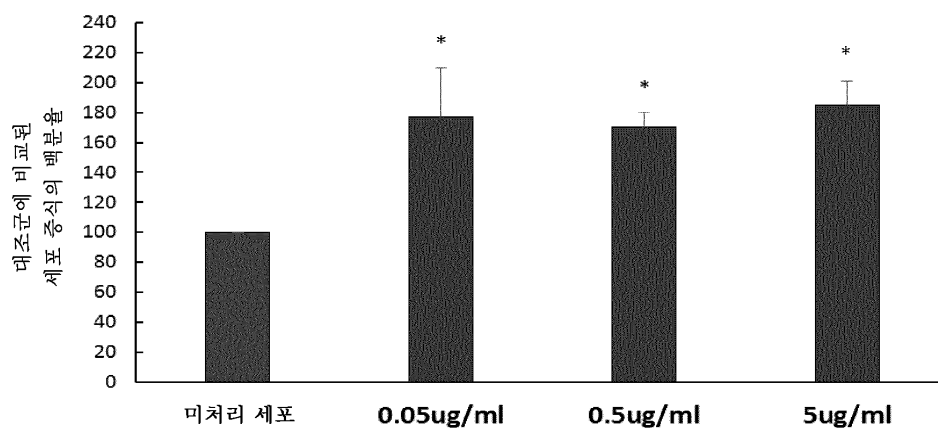
도면80



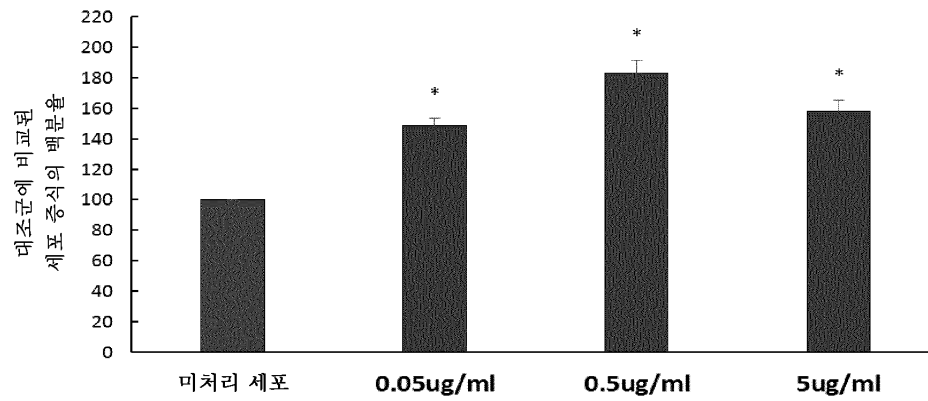
도면81



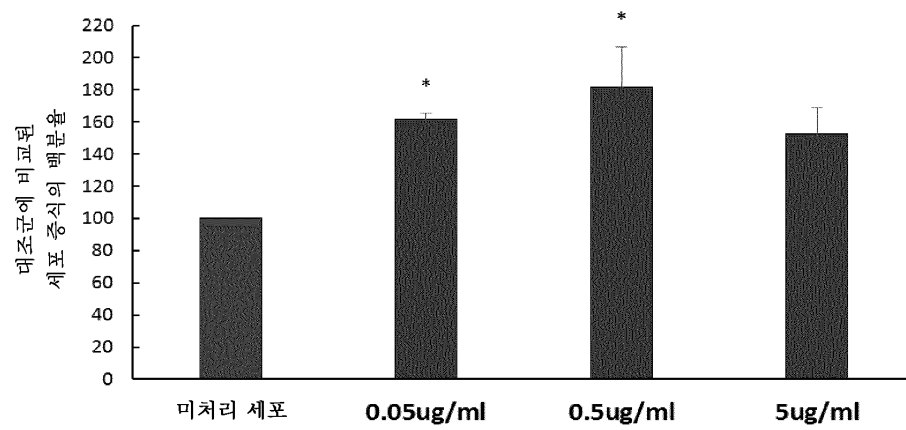
도면82



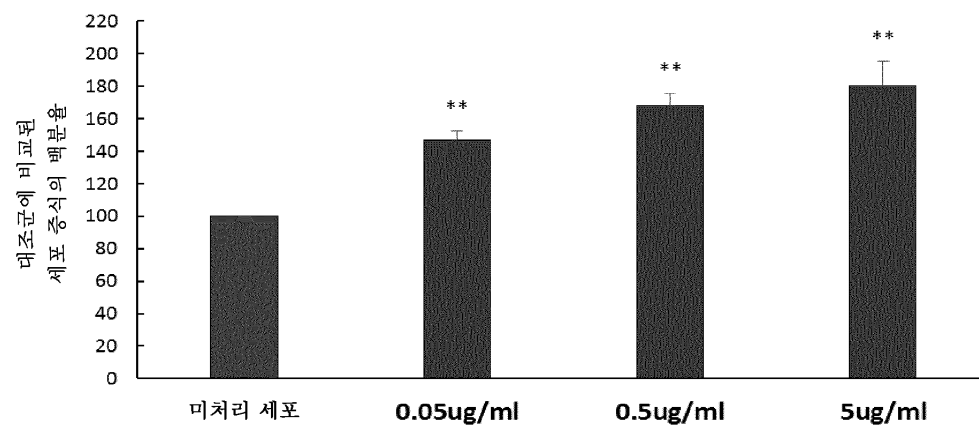
도면83



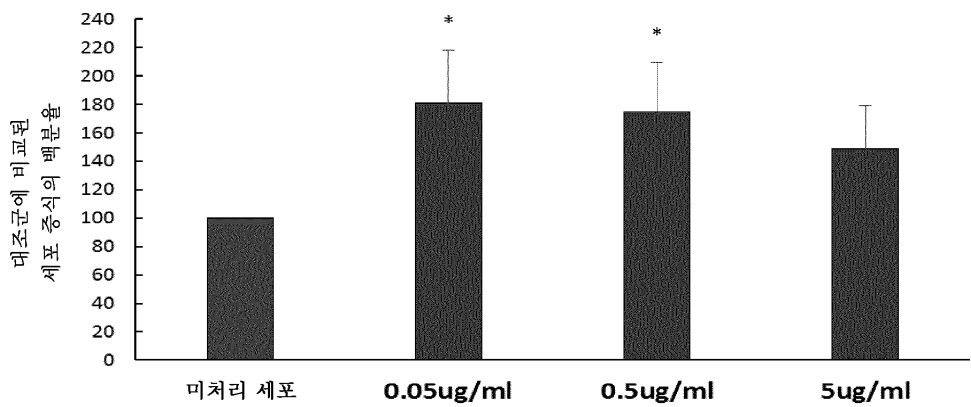
도면84



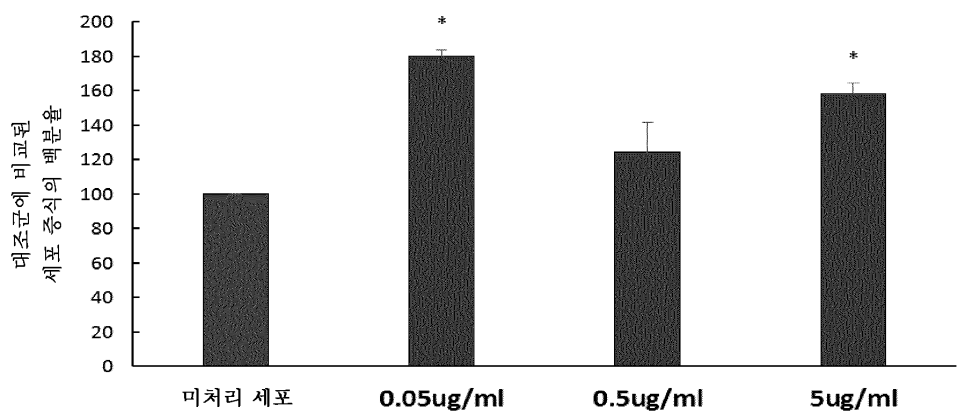
도면85



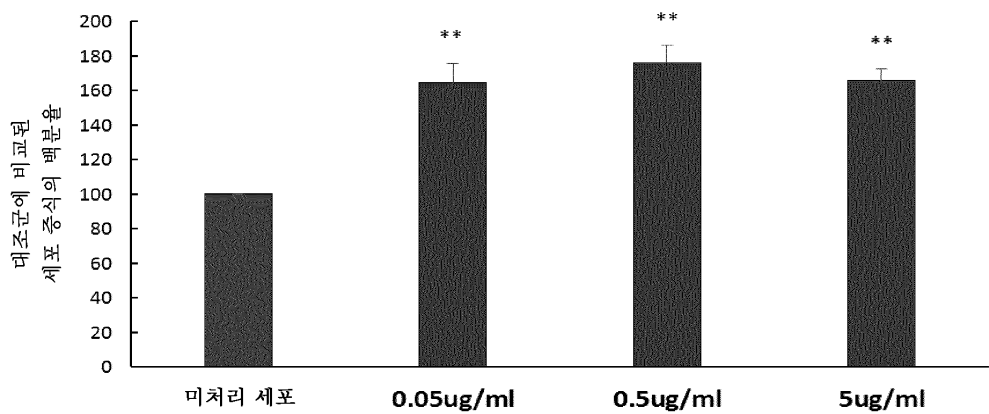
도면86



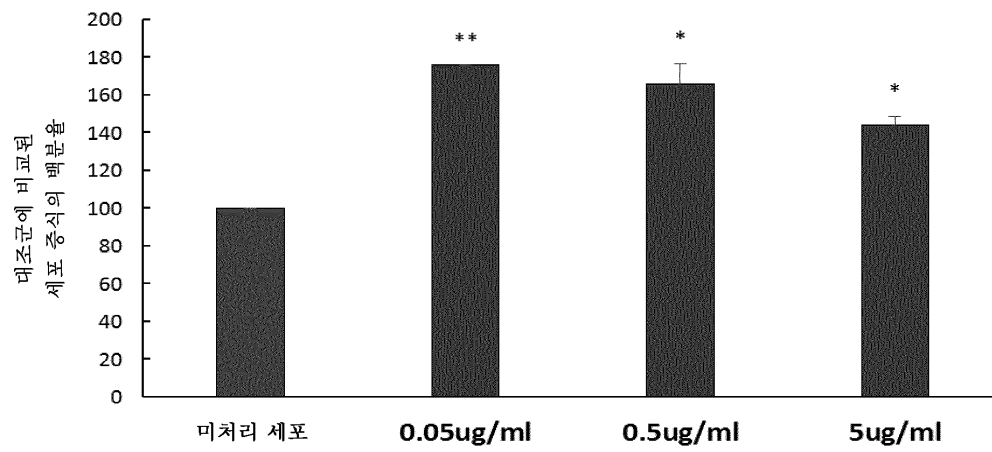
도면87



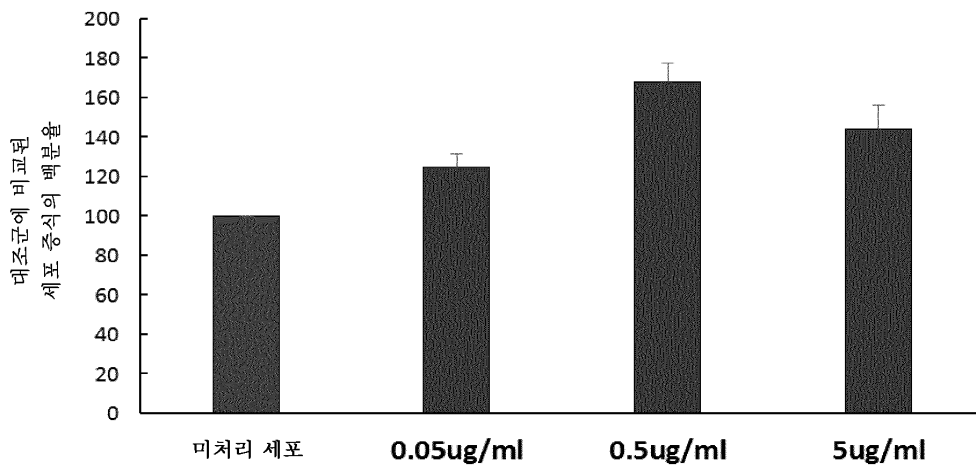
도면88



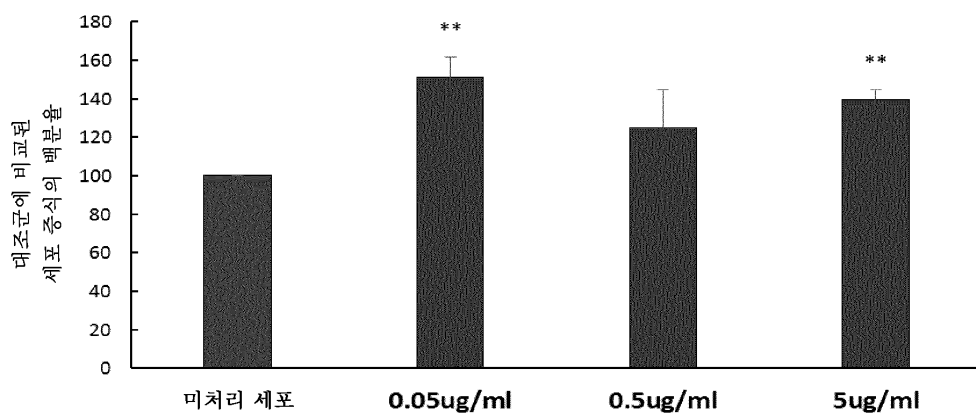
도면89



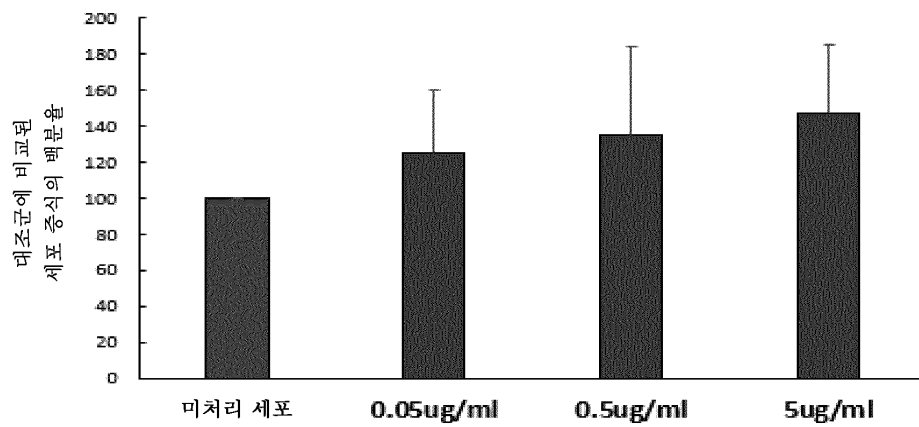
도면90



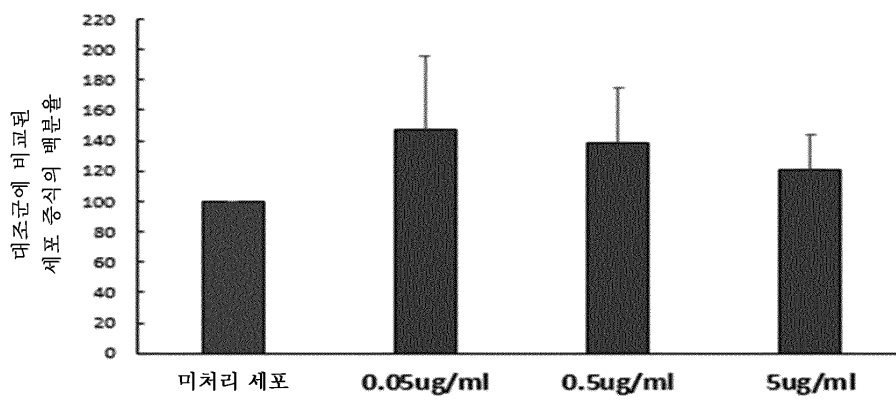
도면91



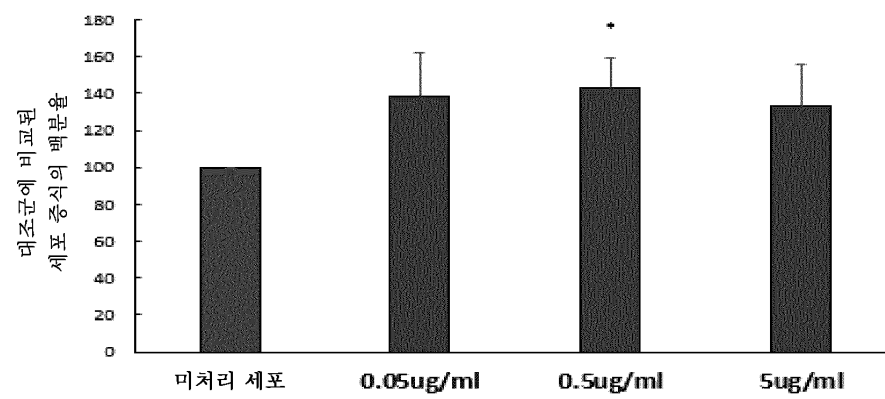
도면92



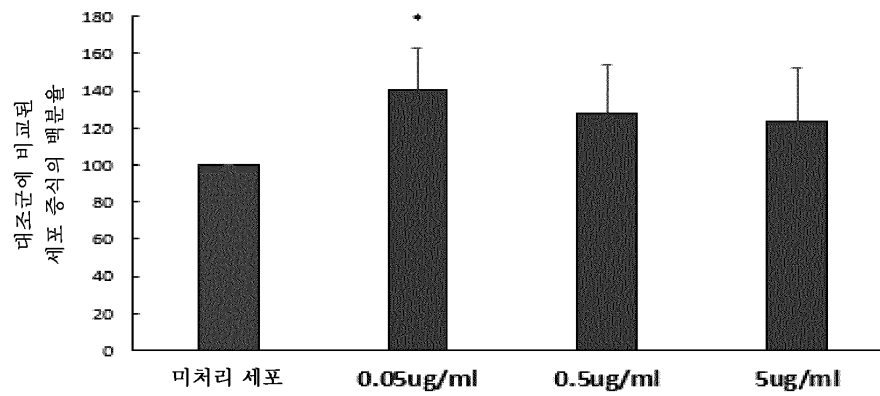
도면93



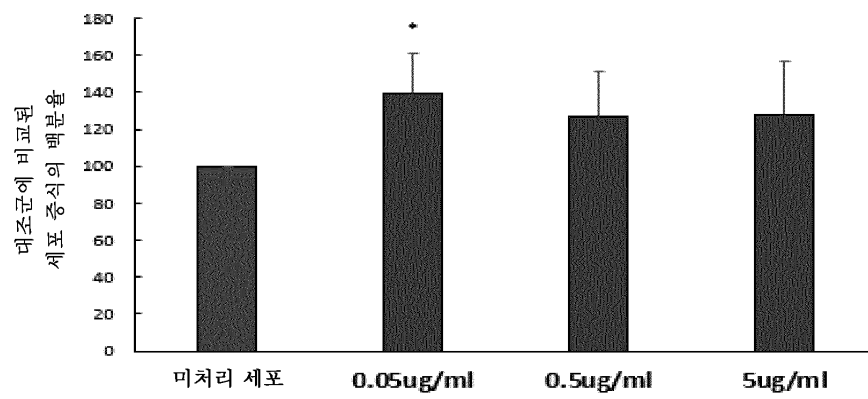
도면94



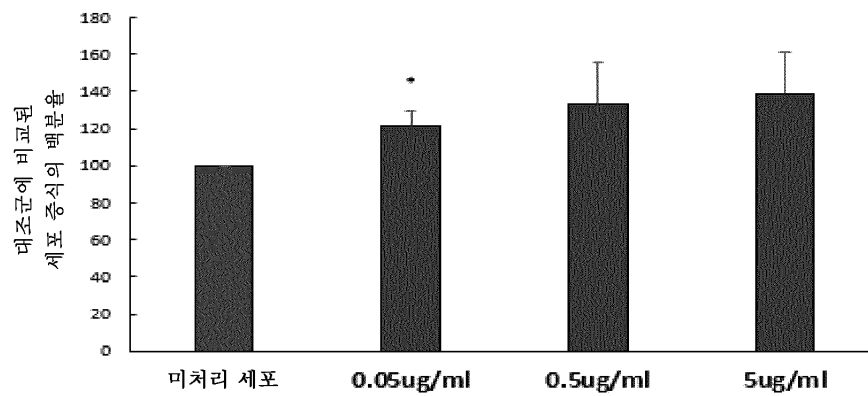
도면95



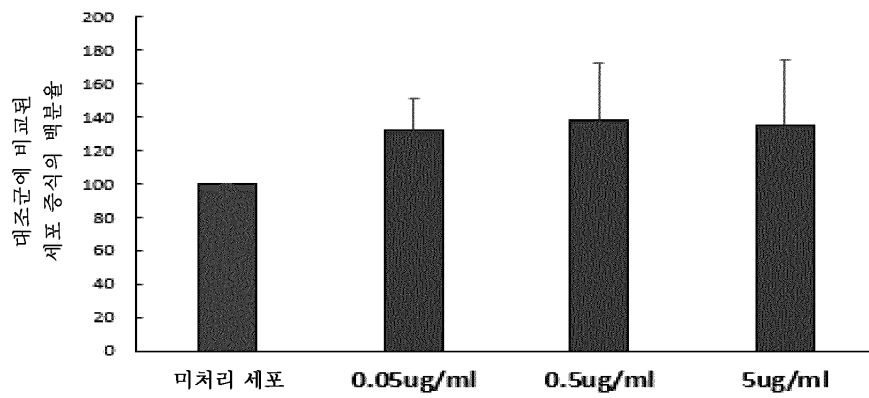
도면96



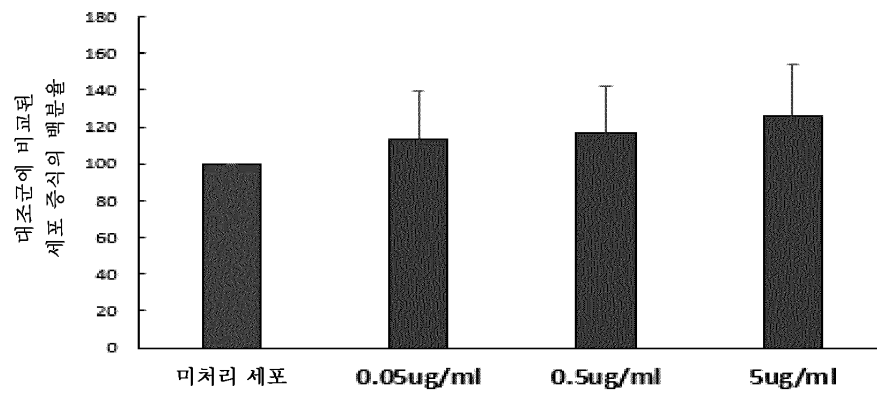
도면97



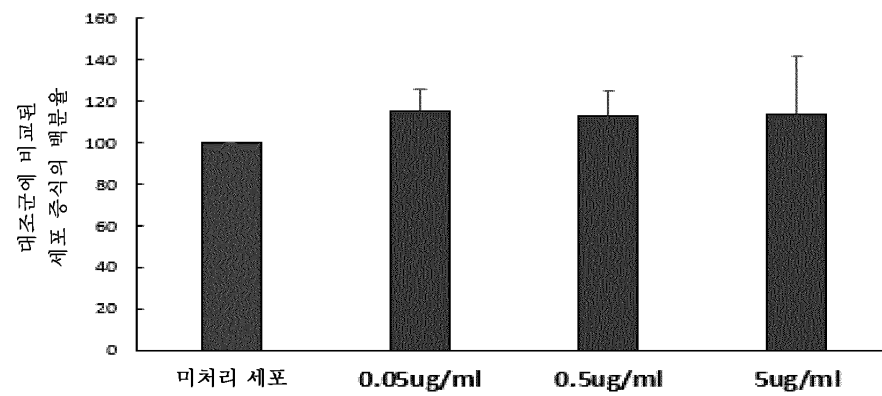
도면98



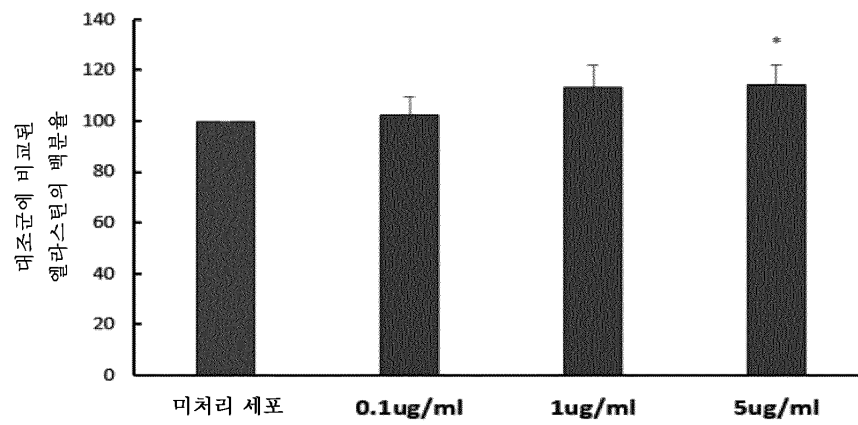
도면99



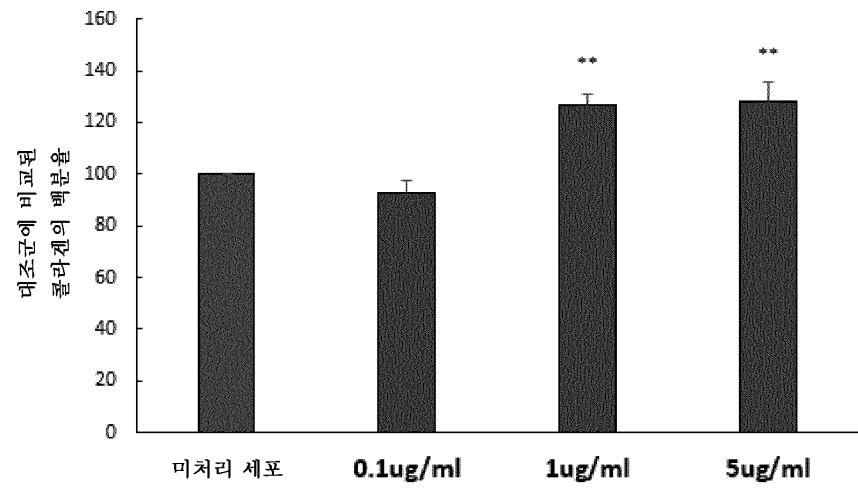
도면100



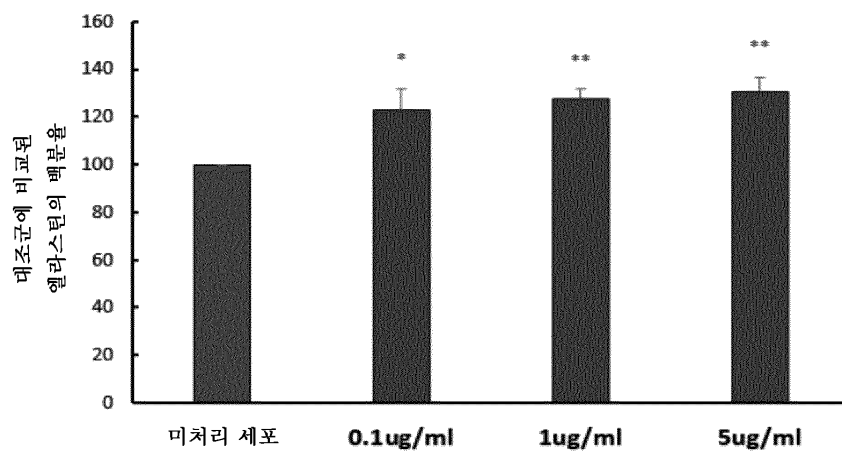
도면101



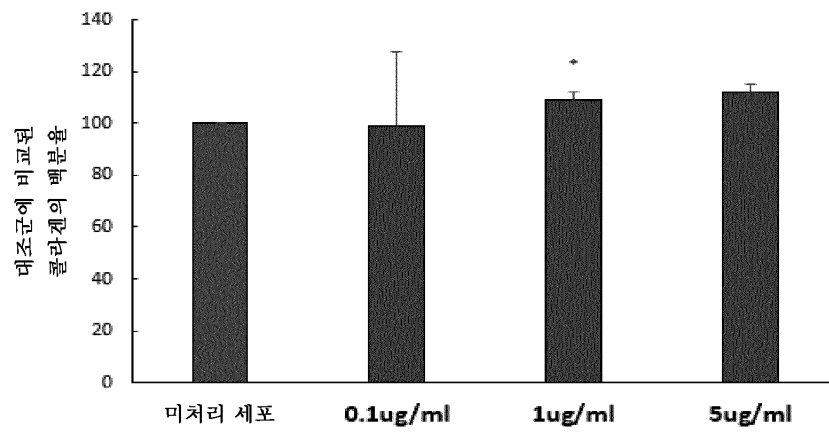
도면102



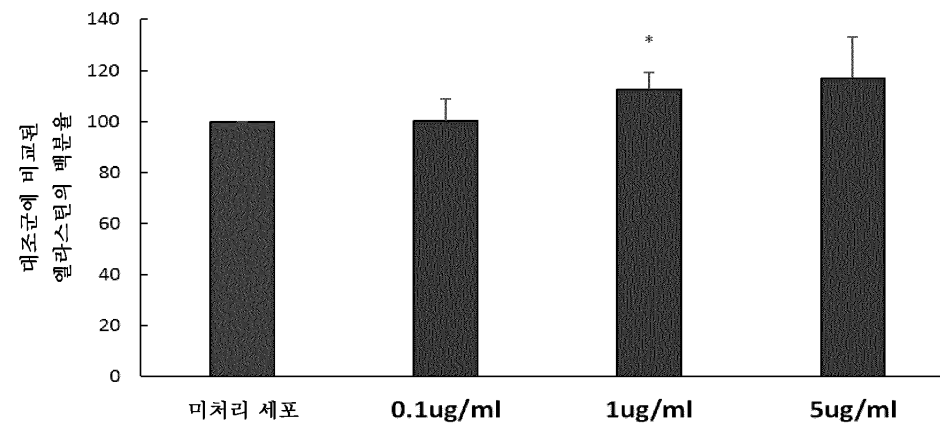
도면103



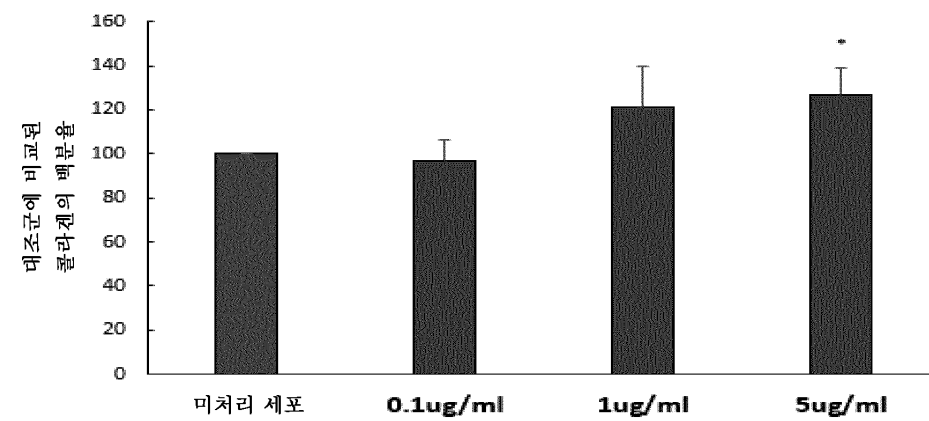
도면104



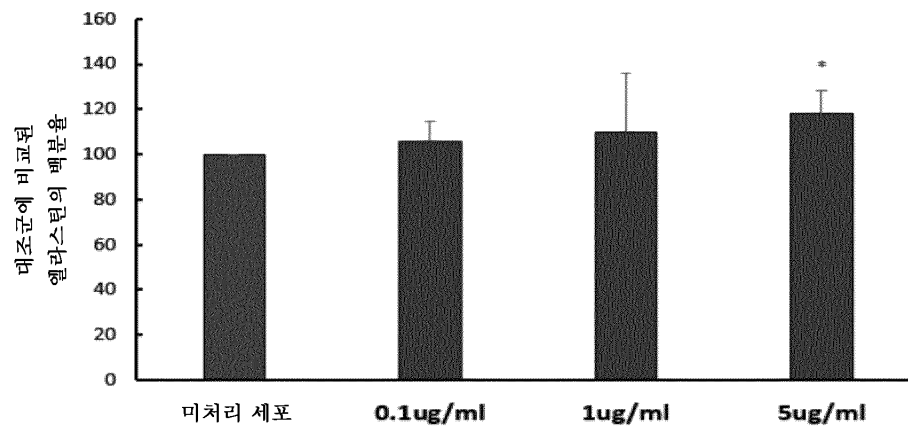
도면105



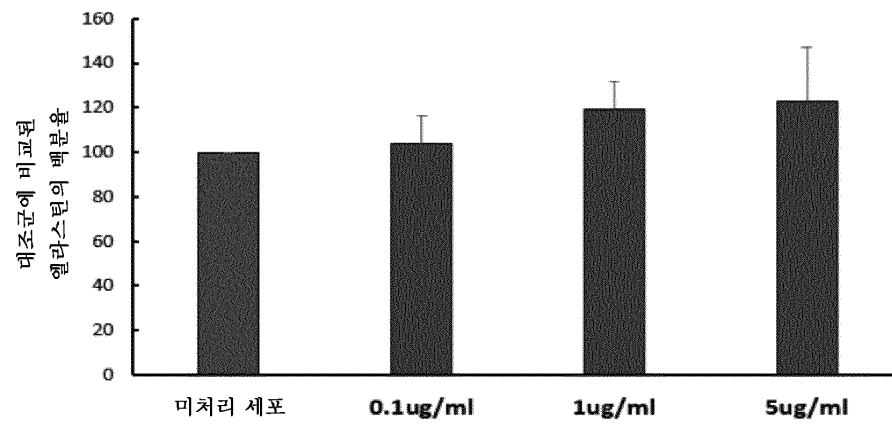
도면106



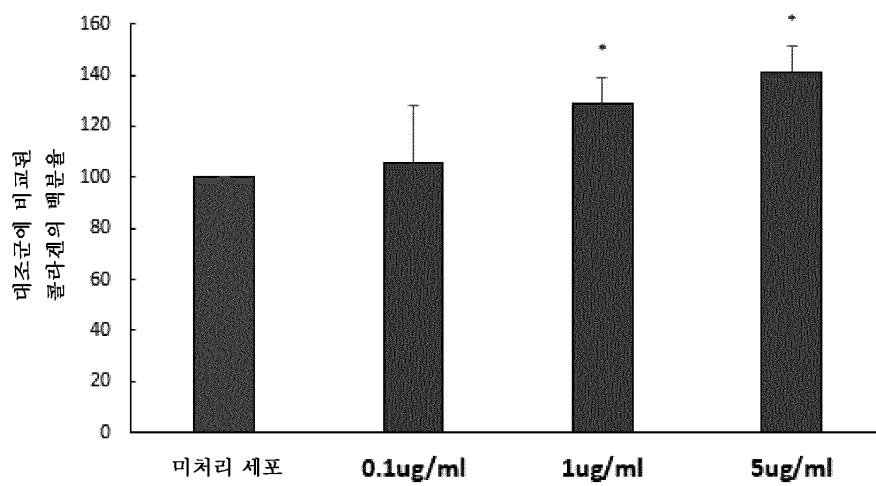
도면107



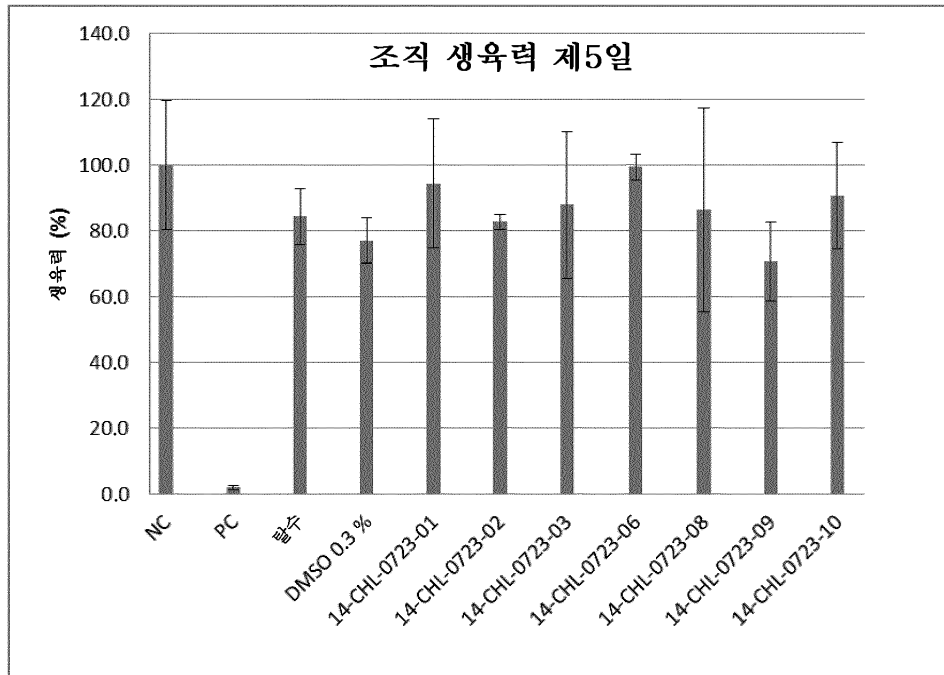
도면108



도면109



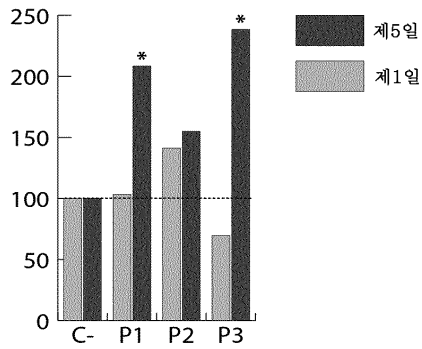
도면110



도면111

표층 진피에서의 엘라스틴 발현

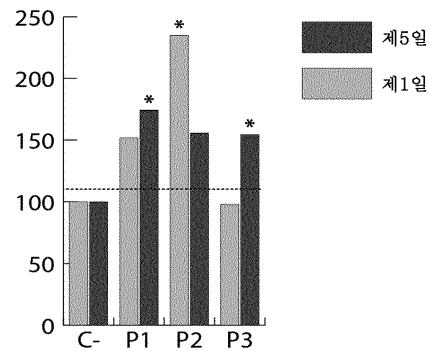
대조군의 %



도면112

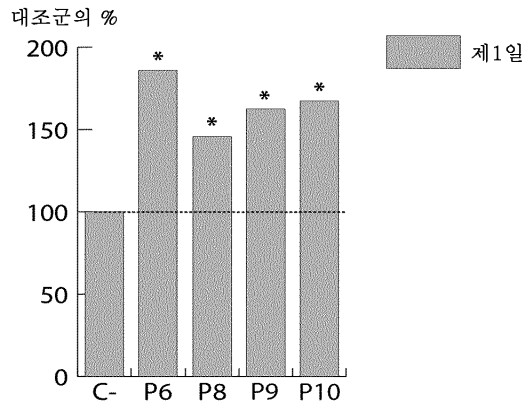
중간층 진피에서의 엘라스틴 발현

대조군의 %

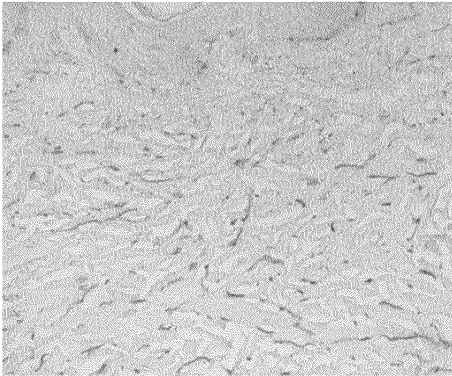
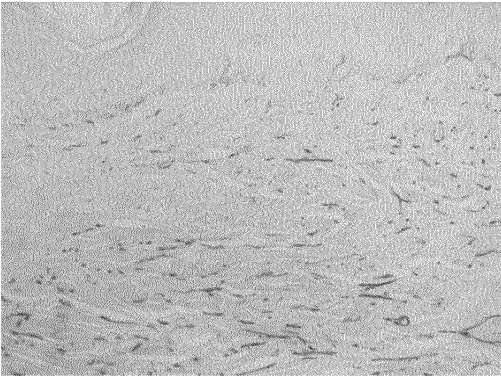
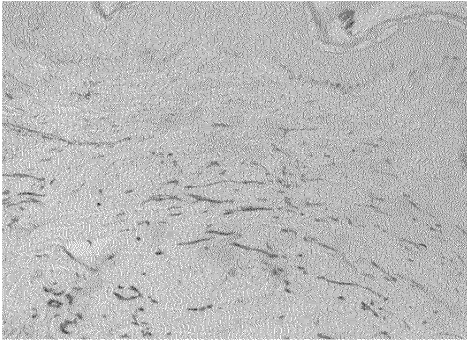
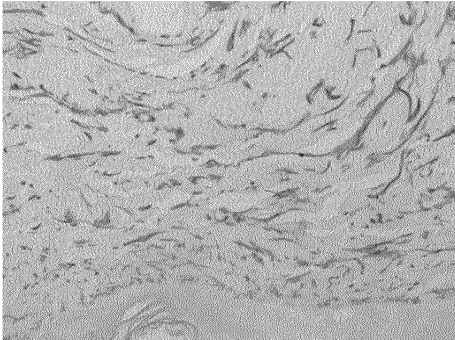
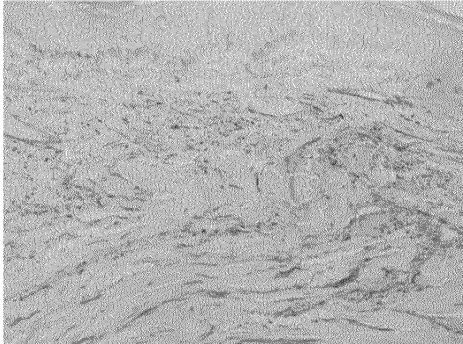
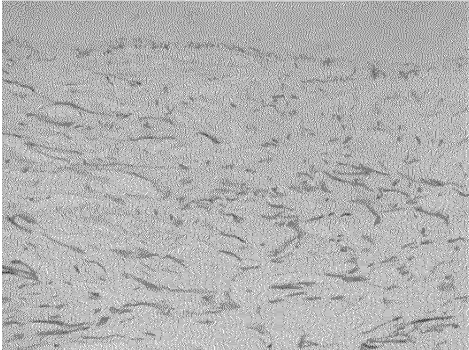


도면113

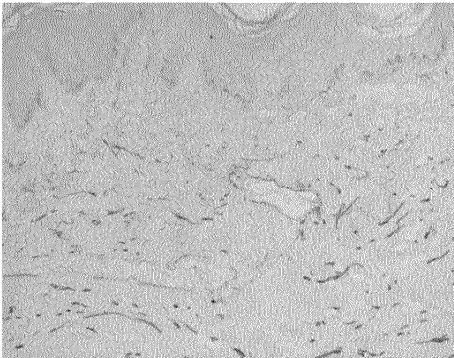
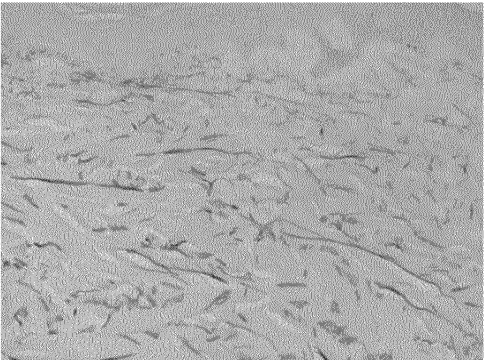
표피의 기저층에서의 세포 증식



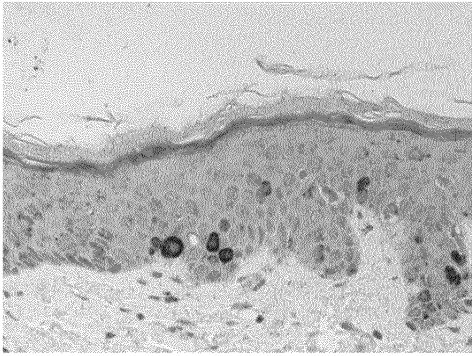
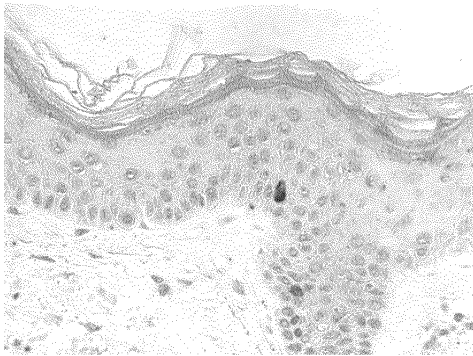
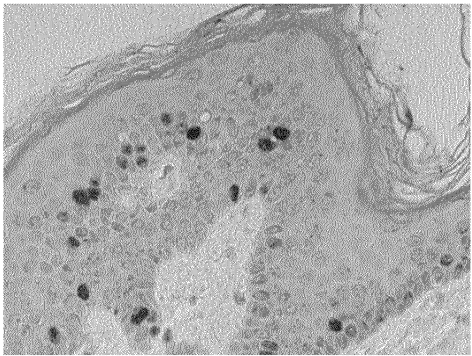
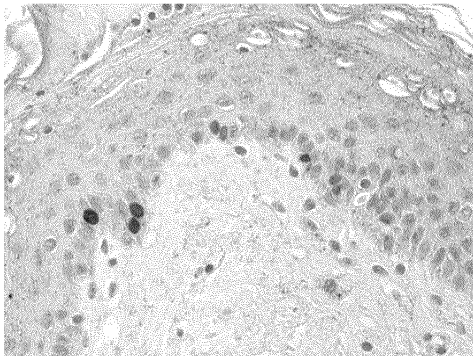
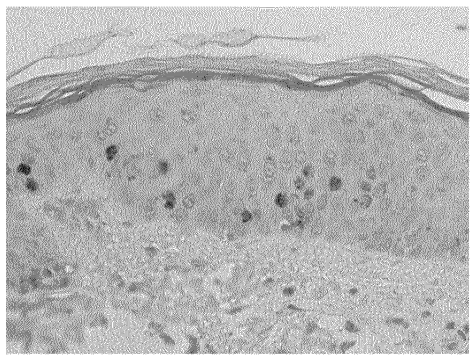
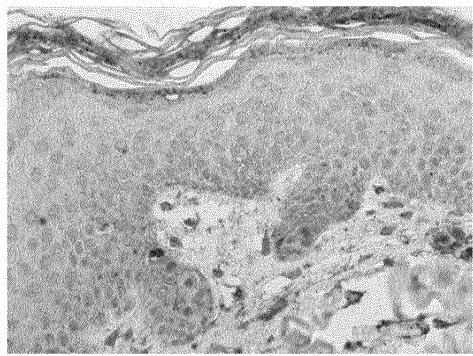
도면114i

제1일	제5일
 물	 물
 0723-01	 0723-01
 0723-02	 0723-02

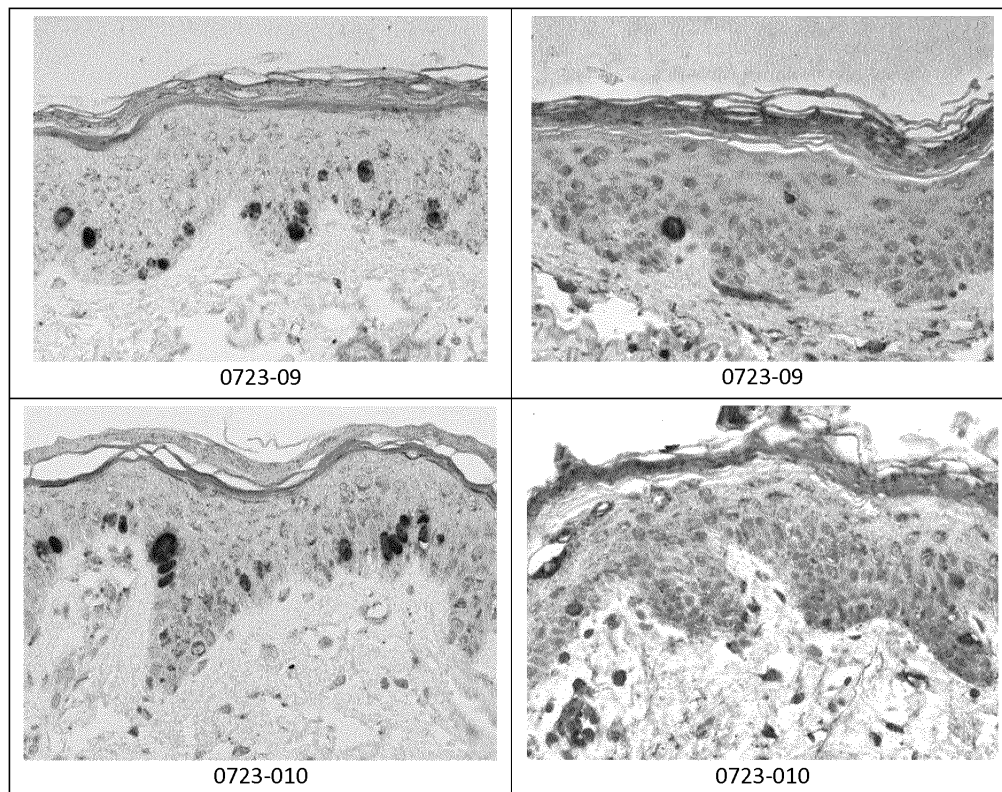
도면114ii

 0723-03	 0723-03
--	---

도면115i

제1일	제5일
 물	 물
 0723-06	 0723-06
 0723-08	 0723-08

도면115i



서열목록

SEQUENCE LISTING

<110> NURITAS LIMITED

<120> Cellular growth and proliferation promoting peptides, and uses thereof

<130> P11684PC00

<140> PCT/EP2016/067097

<141> 2016-07-18

<150> EP15177017.9

<151> 2015-07-16

<160> 775

<170> PatentIn version 3.5

<210> 1

<211> 459

<212> PRT

<213> Pisum sativum

<400> 1

Met Ala Ala Thr Thr Met Lys Ala Ser Phe Pro Leu Leu Met Leu Met
1 5 10 15
Gly Ile Ser Phe Leu Ala Ser Val Cys Val Ser Ser Arg Ser Asp Pro
20 25 30
Gln Asn Pro Phe Ile Phe Lys Ser Asn Lys Phe Gln Thr Leu Phe Glu
35 40 45
Asn Glu Asn Gly His Ile Arg Leu Leu Gln Lys Phe Asp Gln Arg Ser
50 55 60
Lys Ile Phe Glu Asn Leu Gln Asn Tyr Arg Leu Leu Glu Tyr Lys Ser
65 70 75 80
Lys Pro His Thr Ile Phe Leu Pro Gln His Thr Asp Ala Asp Tyr Ile
85 90 95
Leu Val Val Leu Ser Gly Lys Ala Ile Leu Thr Val Leu Lys Pro Asp
100 105 110
Asp Arg Asn Ser Phe Asn Leu Glu Arg Gly Asp Thr Ile Lys Leu Pro
115 120 125
Ala Gly Thr Ile Ala Tyr Leu Val Asn Arg Asp Asp Asn Glu Glu Leu
130 135 140
Arg Val Leu Asp Leu Ala Ile Pro Val Asn Arg Pro Gly Gln Leu Gln
145 150 155 160
Ser Phe Leu Leu Ser Gly Asn Gln Asn Gln Gln Asn Tyr Leu Ser Gly
165 170 175
Phe Ser Lys Asn Ile Leu Glu Ala Ser Phe Asn Thr Asp Tyr Glu Glu
180 185 190
Ile Glu Lys Val Leu Leu Glu Glu His Glu Lys Glu Thr Gln His Arg
195 200 205
Arg Ser Leu Lys Asp Lys Arg Gln Gln Ser Gln Glu Glu Asn Val Ile
210 215 220
Val Lys Leu Ser Arg Gly Gln Ile Glu Glu Leu Ser Lys Asn Ala Lys
225 230 235 240
Ser Thr Ser Lys Lys Ser Val Ser Ser Glu Ser Glu Pro Phe Asn Leu

245 250 255
 Arg Ser Arg Gly Pro Ile Tyr Ser Asn Glu Phe Gly Lys Phe Phe Glu
 260 265 270
 Ile Thr Pro Glu Lys Asn Pro Gln Leu Gln Asp Leu Asp Ile Phe Val

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

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

405 410 415
 Ala Phe Pro Gly Ser Ala Gln Glu Val Asp Arg Ile Leu Glu Asn Gln
 420 425 430
 Lys Gln Ser His Phe Ala Asp Ala Gln Pro Gln Gln Arg Glu Arg Gly
 435 440 445
 Ser Arg Glu Thr Arg Asp Arg Leu Ser Ser Val
 450 455

<210> 2

<211> 613

<212> PRT

<213> Pisum sativum

<400> 2

Met Ala Thr Thr Ile Lys Ser Arg Phe Pro Leu Leu Leu Leu Leu Gly

1 5 10 15

Ile Ile Phe Leu Ala Ser Val Val Cys Val Thr Tyr Ala Asn Tyr Asp

20 25 30

Glu Gly Ser Glu Pro Arg Val Pro Ala Gln Arg Glu Arg Gly Arg Gln

35 40 45

Glu Gly Glu Lys Glu Glu Lys Arg His Gly Glu Trp Arg Pro Ser Tyr

50 55 60

Glu Lys Glu Glu Asp Glu Glu Glu Gly Gln Arg Glu Arg Gly Arg Gln

65 70 75 80

Glu Gly Glu Lys Glu Glu Lys Arg His Gly Glu Trp Arg Pro Ser Tyr

85 90 95

Glu Lys Gln Glu Asp Glu Glu Glu Lys Gln Lys Tyr Arg Tyr Gln Arg

100 105 110

Glu Lys Glu Asp Glu Glu Glu Lys Gln Lys Tyr Gln Tyr Gln Arg Glu

115 120 125

Lys Lys Glu Gln Lys Glu Val Gln Pro Gly Arg Glu Arg Trp Glu Arg

130 135 140

Glu Glu Asp Glu Glu Gln Val Asp Glu Glu Trp Arg Gly Ser Gln Arg

145 150 155 160

Arg Glu Asp Pro Glu Glu Arg Ala Arg Leu Arg His Arg Glu Glu Arg

165 170 175

Thr Lys Arg Asp Arg Arg His Gln Arg Glu Gly Glu Glu Glu Glu Arg

180 185 190

Ser Ser Glu Ser Gln Glu Arg Arg Asn Pro Phe Leu Phe Lys Ser Asn

195 200 205

Lys Phe Leu Thr Leu Phe Glu Asn Glu Asn Gly His Ile Arg Leu Leu

210 215 220

Gln Arg Phe Asp Lys Arg Ser Asp Leu Phe Glu Asn Leu Gln Asn Tyr

225 230 235 240

Arg Leu Val Glu Tyr Arg Ala Lys Pro His Thr Ile Phe Leu Pro Gln

245 250 255
His Ile Asp Ala Asp Leu Ile Leu Val Val Leu Ser Gly Lys Ala Ile

260 265 270
Leu Thr Val Leu Ser Pro Asn Asp Arg Asn Ser Tyr Asn Leu Glu Arg

275 280 285
Gly Asp Thr Ile Lys Leu Pro Ala Gly Thr Thr Ser Tyr Leu Val Asn

290 295 300
Gln Asp Asp Glu Glu Asp Leu Arg Leu Val Asp Leu Val Ile Pro Val

305 310 315 320
Asn Gly Pro Gly Lys Phe Glu Ala Phe Asp Leu Ala Lys Asn Lys Asn

325 330 335
Gln Tyr Leu Arg Gly Phe Ser Lys Asn Ile Leu Glu Ala Ser Tyr Asn

340 345 350
Thr Arg Tyr Glu Thr Ile Glu Lys Val Leu Leu Glu Glu Gln Glu Lys

355 360 365
Asp Arg Lys Arg Arg Gln Gln Gly Glu Glu Thr Asp Ala Ile Val Lys

370 375 380
Val Ser Arg Glu Gln Ile Glu Glu Leu Lys Lys Leu Ala Lys Ser Ser

385 390 395 400
Ser Lys Lys Ser Leu Pro Ser Glu Phe Glu Pro Ile Asn Leu Arg Ser

405 410 415
His Lys Pro Glu Tyr Ser Asn Lys Phe Gly Lys Leu Phe Glu Ile Thr

420 425 430
Pro Glu Lys Lys Tyr Pro Gln Leu Gln Asp Leu Asp Leu Phe Val Ser

435 440 445
Cys Val Glu Ile Asn Glu Gly Ala Leu Met Leu Pro His Tyr Asn Ser

450 455 460
Arg Ala Ile Val Val Leu Leu Val Asn Glu Gly Lys Gly Asn Leu Glu

465 470 475 480
Leu Leu Gly Leu Lys Asn Glu Gln Gln Glu Arg Glu Asp Arg Lys Glu

485 490 495

Arg Asn Asn Glu Val Gln Arg Tyr Glu Ala Arg Leu Ser Pro Gly Asp
500 505 510
Val Val Ile Ile Pro Ala Gly His Pro Val Ala Ile Thr Ala Ser Ser
515 520 525
Asn Leu Asn Leu Leu Gly Phe Gly Ile Asn Ala Glu Asn Asn Glu Arg
530 535 540
Asn Phe Leu Ser Gly Ser Asp Asp Asn Val Ile Ser Gln Ile Glu Asn
545 550 555 560
Pro Val Lys Glu Leu Thr Phe Pro Gly Ser Val Gln Glu Ile Asn Arg
565 570 575
Leu Ile Lys Asn Gln Lys Gln Ser His Phe Ala Asn Ala Glu Pro Glu
580 585 590
Gln Lys Glu Gln Gly Ser Gln Gly Lys Arg Ser Pro Leu Ser Ser Ile
595 600 605
Leu Gly Thr Phe Tyr
610
<210> 3
<211> 609
<212> PRT
<213> Oryza sativa
<400> 3
Met Ser Ala Leu Thr Thr Ser Gln Leu Ala Thr Ser Ala Thr Gly Phe
1 5 10 15
Gly Ile Ala Asp Arg Ser Ala Pro Ser Ser Leu Leu Arg His Gly Phe
20 25 30
Gln Gly Leu Lys Pro Arg Ser Pro Ala Gly Gly Asp Ala Thr Ser Leu
35 40 45
Ser Val Thr Thr Ser Ala Arg Ala Thr Pro Lys Gln Gln Arg Ser Val
50 55 60
Gln Arg Gly Ser Arg Arg Phe Pro Ser Val Val Val Tyr Ala Thr Gly
65 70 75 80

Ala Gly Met Asn Val Val Phe Val Gly Ala Glu Met Ala Pro Trp Ser

85 90 95

Lys Thr Gly Gly Leu Gly Asp Val Leu Gly Gly Leu Pro Pro Ala Met

100 105 110

Ala Ala Asn Gly His Arg Val Met Val Ile Ser Pro Arg Tyr Asp Gln

115 120 125

Tyr Lys Asp Ala Trp Asp Thr Ser Val Val Ala Glu Ile Lys Val Ala

130 135 140

Asp Arg Tyr Glu Arg Val Arg Phe Phe His Cys Tyr Lys Arg Gly Val

145 150 155 160

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

165 170 175

Lys Thr Gly Glu Lys Ile Tyr Gly Pro Asp Thr Gly Val Asp Tyr Lys

180 185 190

Asp Asn Gln Met Arg Phe Ser Leu Leu Cys Gln Ala Ala Leu Glu Ala

195 200 205

Pro Arg Ile Leu Asn Leu Asn Asn Asn Pro Tyr Phe Lys Gly Thr Tyr

210 215 220

Gly Glu Asp Val Val Phe Val Cys Asn Asp Trp His Thr Gly Pro Leu

225 230 235 240

Ala Ser Tyr Leu Lys Asn Asn Tyr Gln Pro Asn Gly Ile Tyr Arg Asn

245 250 255

Ala Lys Val Ala Phe Cys Ile His Asn Ile Ser Tyr Gln Gly Arg Phe

260 265 270

Ala Phe Glu Asp Tyr Pro Glu Leu Asn Leu Ser Glu Arg Phe Arg Ser

275 280 285

Ser Phe Asp Phe Ile Asp Gly Tyr Asp Thr Pro Val Glu Gly Arg Lys

290 295 300

Ile Asn Trp Met Lys Ala Gly Ile Leu Glu Ala Asp Arg Val Leu Thr

305 310 315 320

Val Ser Pro Tyr Tyr Ala Glu Glu Leu Ile Ser Gly Ile Ala Arg Gly

325 330 335
Cys Glu Leu Asp Asn Ile Met Arg Leu Thr Gly Ile Thr Gly Ile Val

340 345 350
Asn Gly Met Asp Val Ser Glu Trp Asp Pro Ser Lys Asp Lys Tyr Ile

355 360 365
Thr Ala Lys Tyr Asp Ala Thr Thr Ala Ile Glu Ala Lys Ala Leu Asn

370 375 380
Lys Glu Ala Leu Gln Ala Glu Ala Gly Leu Pro Val Asp Arg Lys Ile

385 390 395 400
Pro Leu Ile Ala Phe Ile Gly Arg Leu Glu Glu Gln Lys Gly Pro Asp

405 410 415
Val Met Ala Ala Ala Ile Pro Glu Leu Met Gln Glu Asp Val Gln Ile

420 425 430
Val Leu Leu Gly Thr Gly Lys Lys Lys Phe Glu Lys Leu Leu Lys Ser

435 440 445
Met Glu Glu Lys Tyr Pro Gly Lys Val Arg Ala Val Val Lys Phe Asn

450 455 460
Ala Pro Leu Ala His Leu Ile Met Ala Gly Ala Asp Val Leu Ala Val

465 470 475 480
Pro Ser Arg Phe Glu Pro Cys Gly Leu Ile Gln Leu Gln Gly Met Arg

485 490 495
Tyr Gly Thr Pro Cys Ala Cys Ala Ser Thr Gly Gly Leu Val Asp Thr

500 505 510
Val Ile Glu Gly Lys Thr Gly Phe His Met Gly Arg Leu Ser Val Asp

515 520 525
Cys Lys Val Val Glu Pro Ser Asp Val Lys Lys Val Ala Ala Thr Leu

530 535 540
Lys Arg Ala Ile Lys Val Val Gly Thr Pro Ala Tyr Glu Glu Met Val

545 550 555 560
Arg Asn Cys Met Asn Gln Asp Leu Ser Trp Lys Gly Pro Ala Lys Asn

565 570 575

Trp Glu Asn Val Leu Leu Gly Leu Gly Val Ala Gly Ser Ala Pro Gly
580 585 590

Ile Glu Gly Asp Glu Ile Ala Pro Leu Ala Lys Glu Asn Val Ala Ala
595 600 605

Pro

<210> 4
<211> 499
<212> PRT
<213> Oryza sativa
<400> 4

Met Ala Ser Ser Val Phe Ser Arg Phe Ser Ile Tyr Phe Cys Val Leu
1 5 10 15

Leu Leu Cys His Gly Ser Met Ala Gln Leu Phe Asn Pro Ser Thr Asn
20 25 30

Pro Trp His Ser Pro Arg Gln Gly Ser Phe Arg Glu Cys Arg Phe Asp
35 40 45

Arg Leu Gln Ala Phe Glu Pro Leu Arg Lys Val Arg Ser Glu Ala Gly
50 55 60

Val Thr Glu Tyr Phe Asp Glu Lys Asn Glu Leu Phe Gln Cys Thr Gly
65 70 75 80

Thr Phe Val Ile Arg Arg Val Ile Gln Pro Gln Gly Leu Leu Val Pro
85 90 95

Arg Tyr Thr Asn Ile Pro Gly Val Val Tyr Ile Ile Gln Gly Arg Gly
100 105 110

Ser Met Gly Leu Thr Phe Pro Gly Cys Pro Ala Thr Tyr Gln Gln Gln
115 120 125

Phe Gln Gln Phe Ser Ser Gln Gly Gln Ser Gln Ser Gln Lys Phe Arg
130 135 140

Asp Glu His Gln Lys Ile His Gln Phe Arg Gln Gly Asp Ile Val Ala
145 150 155 160

Leu Pro Ala Gly Val Ala His Trp Phe Tyr Asn Asp Gly Asp Ala Pro

165	170	175
Ile Val Ala Val Tyr Val Tyr Asp Val Asn Asn Asn Ala Asn Gln Leu		
180	185	190
Glu Pro Arg Gln Lys Glu Phe Leu Leu Ala Gly Asn Asn Asn Arg Ala		
195	200	205
Gln Gln Gln Gln Val Tyr Gly Ser Ser Ile Glu Gln His Ser Gly Gln		
210	215	220
Asn Ile Phe Ser Gly Phe Gly Val Glu Met Leu Ser Glu Ala Leu Gly		
225	230	235
		240
Ile Asn Ala Val Ala Ala Lys Arg Leu Gln Ser Gln Asn Asp Gln Arg		
245	250	255
Gly Glu Ile Ile His Val Lys Asn Gly Leu Gln Leu Leu Lys Pro Thr		
260	265	270
Leu Thr Gln Gln Gln Glu Gln Ala Gln Ala Gln Asp Gln Tyr Gln Gln		
275	280	285
Val Gln Tyr Ser Glu Arg Gln Gln Thr Ser Ser Arg Trp Asn Gly Leu		
290	295	300
Glu Glu Asn Phe Cys Thr Ile Lys Val Arg Val Asn Ile Glu Asn Pro		
305	310	315
Ser Arg Ala Asp Ser Tyr Asn Pro Arg Ala Gly Arg Ile Thr Ser Val		
325	330	335
Asn Ser Gln Lys Phe Pro Ile Leu Asn Leu Ile Gln Met Ser Ala Thr		
340	345	350
Arg Val Asn Leu Tyr Gln Asn Ala Ile Leu Ser Pro Phe Trp Asn Val		
355	360	365
Asn Ala His Ser Leu Val Tyr Met Ile Gln Gly Arg Ser Arg Val Gln		
370	375	380
Val Val Ser Asn Phe Gly Lys Thr Val Phe Asp Gly Val Leu Arg Pro		
385	390	395
Gly Gln Leu Leu Ile Ile Pro Gln His Tyr Ala Val Leu Lys Lys Ala		
405	410	415

Glu Arg Glu Gly Cys Gln Tyr Ile Ala Ile Lys Thr Asn Ala Asn Ala
420 425 430

Phe Val Ser His Leu Ala Gly Lys Asn Ser Val Phe Arg Ala Leu Pro
435 440 445

Val Asp Val Val Ala Asn Ala Tyr Arg Ile Ser Arg Glu Gln Ala Arg
450 455 460

Ser Leu Lys Asn Asn Arg Gly Glu Glu His Gly Ala Phe Thr Pro Arg
465 470 475 480

Phe Gln Gln Gln Tyr Tyr Pro Gly Leu Ser Asn Glu Ser Glu Ser Glu
485 490 495

Thr Ser Glu

<210> 5

<211> 186

<212> PRT

<213> Oryza sativa

<400> 5

Met Ala Ser Lys Val Val Phe Phe Ala Ala Ala Leu Met Ala Ala Met
1 5 10 15

Val Ala Ile Ser Gly Ala Gln Leu Ser Glu Ser Glu Met Arg Phe Arg
20 25 30

Asp Arg Gln Cys Gln Arg Glu Val Gln Asp Ser Pro Leu Asp Ala Cys
35 40 45

Arg Gln Val Leu Asp Arg Gln Leu Thr Gly Arg Glu Arg Phe Gln Pro

50 55 60

Met Phe Arg Arg Pro Gly Ala Leu Gly Leu Arg Met Gln Cys Cys Gln
65 70 75 80

Gln Leu Gln Asp Val Ser Arg Glu Cys Arg Cys Ala Ala Ile Arg Arg
85 90 95

Met Val Arg Ser Tyr Glu Glu Ser Met Pro Met Pro Leu Glu Gln Gly
100 105 110

Trp Ser Ser Ser Ser Ser Glu Tyr Tyr Gly Gly Glu Gly Ser Ser Ser

115	120	125	
Glu Gln Gly Tyr Tyr Gly Glu Gly Ser Ser Glu Glu Gly Tyr Tyr Gly			
130	135	140	
Glu Gln Gln Gln Gln Pro Gly Met Thr Arg Val Arg Leu Thr Arg Ala			
145	150	155	160
Arg Gln Tyr Ala Ala Gln Leu Pro Ser Met Cys Arg Val Glu Pro Gln			
165	170	175	
Gln Cys Ser Ile Phe Ala Ala Gly Gln Tyr			
180	185		

<210> 6

<211> 500

<212> PRT

<213> Oryza sativa

<400> 6

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

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

115	120	125
-----	-----	-----

Phe Gln Gln Phe Leu Pro Glu Gly Gln Ser Gln Ser Gln Lys Phe Arg
 130 135 140
 Asp Glu His Gln Lys Ile His Gln Phe Arg Gln Gly Asp Ile Val Ala
 145 150 155 160
 Leu Pro Ala Gly Val Ala His Trp Phe Tyr Asn Glu Gly Asp Ala Pro
 165 170 175
 Val Val Ala Leu Tyr Val Phe Asp Leu Asn Asn Asn Ala Asn Gln Leu
 180 185 190
 Glu Pro Arg Gln Lys Glu Phe Leu Leu Ala Gly Asn Asn Asn Arg Glu
 195 200 205
 Gln Gln Met Tyr Gly Arg Ser Ile Glu Gln His Ser Gly Gln Asn Ile
 210 215 220
 Phe Ser Gly Phe Asn Asn Glu Leu Leu Ser Glu Ala Leu Gly Val Asn
 225 230 235 240
 Ala Leu Val Ala Lys Arg Leu Gln Gly Gln Asn Asp Gln Arg Gly Glu
 245 250 255
 Ile Ile Arg Val Lys Asn Gly Leu Lys Leu Leu Arg Pro Ala Phe Ala
 260 265 270
 Gln Gln Gln Glu Gln Ala Gln Gln Gln Glu Gln Ala Gln Ala Gln Tyr
 275 280 285
 Gln Val Gln Tyr Ser Glu Glu Gln Gln Pro Ser Thr Arg Cys Asn Gly
 290 295 300
 Leu Asp Glu Asn Phe Cys Thr Ile Lys Ala Arg Leu Asn Ile Glu Asn
 305 310 315 320
 Pro Ser His Ala Asp Thr Tyr Asn Pro Arg Ala Gly Arg Ile Thr Arg
 325 330 335
 Leu Asn Ser Gln Lys Phe Pro Ile Leu Asn Leu Val Gln Leu Ser Ala
 340 345 350
 Thr Arg Val Asn Leu Tyr Gln Asn Ala Ile Leu Ser Pro Phe Trp Asn
 355 360 365
 Val Asn Ala His Ser Leu Val Tyr Ile Val Gln Gly His Ala Arg Val

370 375 380
 Gln Val Val Ser Asn Leu Gly Lys Thr Val Phe Asn Gly Val Leu Arg
 385 390 395 400
 Pro Gly Gln Leu Leu Ile Ile Pro Gln His Tyr Val Val Leu Lys Lys
 405 410 415
 Ala Glu His Glu Gly Cys Gln Tyr Ile Ser Phe Lys Thr Asn Ala Asn
 420 425 430
 Ser Met Val Ser His Leu Ala Gly Lys Asn Ser Ile Phe Arg Ala Met

435 440 445
 Pro Val Asp Val Ile Ala Asn Ala Tyr Arg Ile Ser Arg Glu Gln Ala
 450 455 460
 Arg Ser Leu Lys Asn Asn Arg Gly Glu Glu Leu Gly Ala Phe Thr Pro
 465 470 475 480
 Arg Tyr Gln Gln Gln Thr Tyr Pro Gly Phe Ser Asn Glu Ser Glu Asn
 485 490 495
 Glu Ala Leu Glu
 500

<210> 7

<

211> 861

<212> PRT

<213> Pisum sativum

<400> 7

Met Phe Ser Gly Val Thr Gly Ile Leu Asn Arg Gly His Lys Ile Lys
 1 5 10 15
 Gly Thr Val Val Leu Met Arg Lys Asn Val Leu Asp Ile Asn Ser Leu
 20 25 30
 Thr Thr Val Gly Gly Val Ile Gly Gln Gly Phe Asp Ile Leu Gly Ser
 35 40 45
 Thr Val Asp Asn Leu Thr Ala Phe Leu Gly Arg Ser Val Ser Leu Gln

50 55 60
 Leu Ile Ser Ala Thr Lys Pro Asp Ala Thr Gly Lys Gly Lys Leu Gly
 65 70 75 80

Lys Ala Thr Phe Leu Glu Gly Ile Ile Ser Ser Leu Pro Thr Leu Gly
 85 90 95
 Ala Gly Gln Ser Ala Phe Lys Ile His Phe Glu Trp Asp Asp Asp Met
 100 105 110
 Gly Ile Pro Gly Ala Phe Tyr Ile Lys Asn Phe Met Gln Thr Glu Phe
 115 120 125
 Phe Leu Val Ser Leu Thr Leu Asp Asp Ile Pro Asn His Gly Ser Ile
 130 135 140
 Tyr Phe Val Cys Asn Ser Trp Ile Tyr Asn Ala Lys His His Lys Ile
 145 150 155 160
 Asp Arg Ile Phe Phe Ala Asn Gln Thr Tyr Leu Pro Ser Glu Thr Pro
 165 170 175
 Ala Pro Leu Val His Tyr Arg Glu Glu Glu Leu Asn Asn Leu Arg Gly
 180 185 190
 Asp Gly Thr Gly Glu Arg Lys Glu Trp Glu Arg Ile Tyr Asp Tyr Asp
 195 200 205
 Val Tyr Asn Asp Leu Gly Asn Pro Asp Ser Gly Glu Asn His Ala Arg
 210 215 220
 Pro Val Leu Gly Gly Ser Glu Thr Tyr Pro Tyr Pro Arg Arg Gly Arg
 225 230 235 240
 Thr Gly Arg Lys Pro Thr Arg Lys Asp Pro Asn Ser Glu Ser Arg Ser
 245 250 255
 Asp Tyr Val Tyr Leu Pro Arg Asp Glu Ala Phe Gly His Leu Lys Ser
 260 265 270
 Ser Asp Phe Leu Thr Tyr Gly Leu Lys Ala Val Ser Gln Asn Val Val
 275 280 285
 Pro Ala Leu Glu Ser Val Phe Phe Asp Leu Asn Phe Thr Pro Asn Glu
 290 295 300
 Phe Asp Ser Phe Asp Glu Val His Gly Leu Tyr Glu Gly Gly Ile Lys
 305 310 315 320
 Leu Pro Thr Asn Ile Leu Ser Gln Ile Ser Pro Leu Pro Val Leu Lys

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

 370 375 380
 Gln Glu Phe Pro Pro Arg Ser Lys Leu Asp Ser Gln Ile Tyr Gly Asp
 385 390 395 400
 His Thr Ser Lys Ile Ser Lys Glu His Leu Glu Pro Asn Leu Glu Gly
 405 410 415
 Leu Thr Val Glu Glu Ala Ile Gln Asn Lys Lys Leu Phe Leu Leu Asp
 420 425 430
 His His Asp Ser Ile Met Pro Tyr Leu Arg Arg Ile Asn Ser Thr Ser

 435 440 445
 Thr Lys Ala Tyr Ala Thr Arg Thr Ile Leu Phe Leu Asn Asn Asn Gln
 450 455 460
 Asn Leu Lys Pro Leu Ala Ile Glu Leu Ser Leu Pro His Pro Gln Gly
 465 470 475 480
 Asp Glu His Gly Ala Val Ser Tyr Val Tyr Gln Pro Ala Leu Glu Gly
 485 490 495
 Val Glu Ser Ser Ile Trp Leu Leu Ala Lys Ala Tyr Val Ile Val Asn

 500 505 510
 Asp Ser Cys Tyr His Gln Leu Val Ser His Trp Leu Asn Thr His Ala
 515 520 525
 Val Val Glu Pro Phe Val Ile Ala Thr Asn Arg His Leu Ser Cys Leu
 530 535 540
 His Pro Ile Tyr Lys Leu Leu Tyr Pro His Tyr Arg Asp Thr Met Asn
 545 550 555 560
 Ile Asn Ser Leu Ala Arg Leu Ser Leu Val Asn Asp Gly Gly Ile Ile

 565 570 575

Glu Lys Thr Phe Leu Trp Gly Arg Tyr Ser Met Glu Met Ser Ser Lys
 580 585 590
 Val Tyr Lys Asn Trp Val Phe Thr Glu Gln Ala Leu Pro Ala Asp Leu
 595 600 605
 Ile Lys Arg Gly Met Ala Ile Glu Asp Pro Ser Ser Pro Cys Gly Val
 610 615 620
 Lys Leu Val Val Glu Asp Tyr Pro Tyr Ala Val Asp Gly Leu Glu Ile

 625 630 635 640
 Trp Ala Ile Ile Lys Thr Trp Val Gln Asp Tyr Val Ser Leu Tyr Tyr
 645 650 655
 Thr Ser Asp Glu Lys Leu Arg Gln Asp Ser Glu Leu Gln Ala Trp Trp
 660 665 670
 Lys Glu Leu Val Glu Val Gly His Gly Asp Lys Lys Asn Glu Pro Trp
 675 680 685
 Trp Pro Lys Met Gln Thr Arg Glu Asp Leu Ile Glu Val Cys Ser Ile

 690 695 700
 Val Ile Trp Thr Ala Ser Ala Leu His Ala Ala Val Asn Phe Gly Gln
 705 710 715 720
 Tyr Ser Tyr Gly Gly Leu Ile Leu Asn Arg Pro Thr Leu Ser Arg Arg
 725 730 735
 Phe Met Pro Glu Lys Gly Ser Ala Glu Phe Glu Glu Leu Val Lys Ser
 740 745 750
 Pro Gln Lys Ala Tyr Leu Lys Thr Ile Thr Pro Lys Phe Gln Thr Leu

 755 760 765
 Ile Asp Leu Ser Val Ile Glu Ile Leu Ser Arg His Ala Ser Asp Glu
 770 775 780
 Leu Tyr Leu Gly Glu Arg Asp Asn Pro Asn Trp Thr Ser Asp Lys Arg
 785 790 795 800
 Ala Leu Glu Ala Phe Lys Lys Phe Gly Asn Lys Leu Ala Glu Ile Glu
 805 810 815
 Lys Lys Leu Thr Gln Arg Asn Asn Asp Glu Lys Leu Arg Asn Arg His

820 825 830
 Gly Pro Val Glu Met Pro Tyr Thr Leu Leu Tyr Pro Ser Ser Lys Glu
 835 840 845
 Gly Leu Thr Phe Arg Gly Ile Pro Asn Ser Ile Ser Ile
 850 855 860
 <210> 8
 <211> 517
 <212> PRT
 <213> Pisum sativum
 <400> 8
 Met Ala Lys Leu Leu Ala Leu Ser Leu Ser Phe Cys Phe Leu Leu Leu
 1 5 10 15

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

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

 Thr Gly Ile Val Phe Trp Met Tyr Asn Asp Gln Asp Thr Pro Val Ile
 145 150 155 160
 Ala Val Ser Leu Thr Asp Ile Arg Ser Ser Asn Asn Gln Leu Asp Gln
 165 170 175

Met Pro Arg Arg Phe Tyr Leu Ala Gly Asn His Glu Gln Glu Phe Leu
180 185 190

Gln Tyr Gln His Gln Gln Gly Gly Lys Gln Glu Gln Glu Asn Glu Gly
195 200 205

Asn Asn Ile Phe Ser Gly Phe Lys Arg Asp Tyr Leu Glu Asp Ala Phe
210 215 220

Asn Val Asn Arg His Ile Val Asp Arg Leu Gln Gly Arg Asn Glu Asp
225 230 235 240

Glu Glu Lys Gly Ala Ile Val Lys Val Lys Gly Gly Leu Ser Ile Ile
245 250 255

Ser Pro Pro Glu Lys Gln Ala Arg His Gln Arg Gly Ser Arg Gln Glu
260 265 270

Glu Asp Glu Asp Glu Glu Lys Gln Pro Arg His Gln Arg Gly Ser Arg
275 280 285

Gln Glu Glu Glu Glu Asp Glu Asp Glu Glu Arg Gln Pro Arg His Gln
290 295 300

Arg Arg Arg Gly Glu Glu Glu Glu Glu Asp Lys Lys Glu Arg Gly Gly
305 310 315 320

Ser Gln Lys Gly Lys Ser Arg Arg Gln Gly Asp Asn Gly Leu Glu Glu
325 330 335

Thr Val Cys Thr Ala Lys Leu Arg Leu Asn Ile Gly Pro Ser Ser Ser
340 345 350

Pro Asp Ile Tyr Asn Pro Glu Ala Gly Arg Ile Lys Thr Val Thr Ser
355 360 365

Leu Asp Leu Pro Val Leu Arg Trp Leu Lys Leu Ser Ala Glu His Gly
370 375 380

Ser Leu His Lys Asn Ala Met Phe Val Pro His Tyr Asn Leu Asn Ala
385 390 395 400

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

Asn Cys Asn Gly Asn Thr Val Phe Asp Gly Glu Leu Glu Ala Gly Arg

420 425 430
Ala Leu Thr Val Pro Gln Asn Tyr Ala Val Ala Ala Lys Ser Leu Ser

435 440 445
Asp Arg Phe Ser Tyr Val Ala Phe Lys Thr Asn Asp Arg Ala Gly Ile

450 455 460

Ala Arg Leu Ala Gly Thr Ser Ser Val Ile Asn Asn Leu Pro Leu Asp
465 470 475 480

Val Val Ala Ala Thr Phe Asn Leu Gln Arg Asn Glu Ala Arg Gln Leu
485 490 495

Lys Ser Asn Asn Pro Phe Lys Phe Leu Val Pro Ala Arg Glu Ser Glu
500 505 510

Asn Arg Ala Ser Ala

515

<210> 9

<211> 275

<212> PRT

<213> Pisum sativum

<400> 9

Asp Asn Ala Glu Ile Glu Lys Ile Leu Leu Glu Glu His Glu Lys Glu
1 5 10 15

Thr His His Arg Arg Gly Leu Arg Asp Lys Arg Gln Gln Ser Gln Glu
20 25 30

Lys Asn Val Ile Val Lys Val Ser Lys Lys Gln Ile Glu Glu Leu Ser
35 40 45

Lys Asn Ala Lys Ser Ser Ser Lys Lys Ser Val Ser Ser Arg Ser Glu
50 55 60

Pro Phe Asn Leu Lys Ser Ser Asp Pro Ile Tyr Ser Asn Gln Tyr Gly
65 70 75 80

Lys Phe Phe Glu Ile Thr Pro Lys Lys Asn Pro Gln Leu Gln Asp Leu
85 90 95

Asp Ile Phe Val Asn Tyr Val Glu Ile Lys Glu Gly Ser Leu Trp Leu
100 105 110

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

Lys Gly Asp Phe Glu Leu Val Gly Gln Arg Asn Glu Asn Gln Gln Gly
130 135 140

Leu Arg Glu Glu Asp Asp Glu Glu Glu Glu Gln Arg Glu Glu Glu Thr
145 150 155 160

Lys Asn Gln Val Gln Ser Tyr Lys Ala Lys Leu Thr Pro Gly Asp Val
165 170 175

Phe Val Ile Pro Ala Gly His Pro Val Ala Val Arg Ala Ser Ser Asn
180 185 190

Leu Asn Leu Leu Gly Phe Gly Ile Asn Ala Glu Asn Asn Gln Arg Asn
195 200 205

Phe Leu Ala Gly Glu Glu Asp Asn Val Ile Ser Gln Ile Gln Lys Gln
210 215 220

Val Lys Asp Leu Thr Phe Pro Gly Ser Ala Gln Glu Val Asp Arg Leu
225 230 235 240

Leu Glu Asn Gln Lys Gln Ser Tyr Phe Ala Asn Ala Gln Pro Gln Gln
245 250 255

Arg Glu Thr Arg Ser Gln Glu Ile Lys Glu His Leu Tyr Ser Ile Leu
260 265 270

Gly Ala Phe
275

<210> 10

<211> 438

<212> PRT

<213> Pisum sativum

<400> 10

Met Ala Ala Thr Pro Ile Lys Pro Leu Met Leu Leu Ala Ile Ala Phe
1 5 10 15

Leu Ala Ser Val Cys Val Ser Ser Arg Ser Asp Gln Glu Asn Pro Phe
20 25 30

Ile Phe Lys Ser Asn Arg Phe Gln Thr Leu Tyr Glu Asn Glu Asn Gly

35 40 45

His Ile Arg Leu Leu Gln Lys Phe Asp Lys Arg Ser Lys Ile Phe Glu

50 55 60

Asn Leu Gln Asn Tyr Arg Leu Leu Glu Tyr Lys Ser Lys Pro Arg Thr

65 70 75 80

Leu Phe Leu Pro Gln Tyr Thr Asp Ala Asp Phe Ile Leu Val Val Leu

85 90 95

Ser Gly Lys Ala Thr Leu Thr Val Leu Lys Ser Asn Asp Arg Asn Ser

100 105 110

Phe Asn Leu Glu Arg Gly Asp Thr Ile Lys Leu Pro Ala Gly Thr Ile

115 120 125

Ala Tyr Leu Ala Asn Arg Asp Asp Asn Glu Asp Leu Arg Val Leu Asp

130 135 140

Leu Thr Ile Pro Val Asn Lys Pro Gly Gln Leu Gln Ser Phe Leu Leu

145 150 155 160

Ser Gly Thr Gln Asn Gln Pro Ser Leu Leu Ser Gly Phe Ser Lys Asn

165 170 175

Ile Leu Glu Ala Ala Phe Asn Thr Asn Tyr Glu Glu Ile Glu Lys Val

180 185 190

Leu Leu Glu Gln Gln Glu Gln Glu Pro Gln His Arg Arg Ser Leu Lys

195 200 205

Asp Arg Arg Gln Glu Ile Asn Glu Glu Asn Val Ile Val Lys Val Ser

210 215 220

Arg Glu Gln Ile Glu Glu Leu Ser Lys Asn Ala Lys Ser Ser Ser Lys

225 230 235 240

Lys Ser Val Ser Ser Glu Ser Gly Pro Phe Asn Leu Arg Ser Arg Asn

245 250 255

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

260 265 270

Lys Asn Gln Gln Leu Gln Asp Leu Asp Ile Phe Val Asn Ser Val Asp

275 280 285
Ile Lys Glu Gly Ser Leu Leu Leu Pro Asn Tyr Asn Ser Arg Ala Ile

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

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

420 425 430
Gln Pro Leu Gln Arg Glu

435
<210> 11
<211> 499
<212> PRT
<213> Oryza sativa
<400> 11

Met Ala Ser Ile Asn Arg Pro Ile Val Phe Phe Thr Val Cys Leu Phe
1 5 10 15
Leu Leu Cys Asn Gly Ser Leu Ala Gln Gln Leu Leu Gly Gln Ser Thr
20 25 30
Ser Gln Trp Gln Ser Ser Arg Arg Gly Ser Pro Arg Glu Cys Arg Phe

35	40	45	
Asp Arg Leu Gln Ala Phe Glu Pro Ile Arg Ser Val Arg Ser Gln Ala			
50	55	60	
Gly Thr Thr Glu Phe Phe Asp Val Ser Asn Glu Gln Phe Gln Cys Thr			
65	70	75	80
Gly Val Ser Val Val Arg Arg Val Ile Glu Pro Arg Gly Leu Leu Leu			
85	90	95	
Pro His Tyr Thr Asn Gly Ala Ser Leu Val Tyr Ile Ile Gln Gly Arg			
100	105	110	
Gly Ile Thr Gly Pro Thr Phe Pro Gly Cys Pro Glu Ser Tyr Gln Gln			
115	120	125	
Gln Phe Gln Gln Ser Gly Gln Ala Gln Leu Thr Glu Ser Gln Ser Gln			
130	135	140	
Ser Gln Lys Phe Lys Asp Glu His Gln Lys Ile His Arg Phe Arg Gln			
145	150	155	160
Gly Asp Val Ile Ala Leu Pro Ala Gly Val Ala His Trp Cys Tyr Asn			
165	170	175	
Asp Gly Glu Val Pro Val Val Ala Ile Tyr Val Thr Asp Leu Asn Asn			
180	185	190	
Gly Ala Asn Gln Leu Asp Pro Arg Gln Arg Asp Phe Leu Leu Ala Gly			
195	200	205	
Asn Lys Arg Asn Pro Gln Ala Tyr Arg Arg Glu Val Glu Glu Arg Ser			
210	215	220	
Gln Asn Ile Phe Ser Gly Phe Ser Thr Glu Leu Leu Ser Glu Ala Leu			
225	230	235	240
Gly Val Ser Ser Gln Val Ala Arg Gln Leu Gln Cys Gln Asn Asp Gln			
245	250	255	
Arg Gly Glu Ile Val Arg Val Glu His Gly Leu Ser Leu Leu Gln Pro			
260	265	270	
Tyr Ala Ser Leu Gln Glu Gln Glu Gln Gly Gln Val Gln Ser Arg Glu			
275	280	285	

Arg Tyr Gln Glu Gly Gln Tyr Gln Gln Ser Gln Tyr Gly Ser Gly Cys

290 295 300

Ser Asn Gly Leu Asp Glu Thr Phe Cys Thr Leu Arg Val Arg Gln Asn

305 310 315 320

Ile Asp Asn Pro Asn Arg Ala Asp Thr Tyr Asn Pro Arg Ala Gly Arg

325 330 335

Val Thr Asn Leu Asn Thr Gln Asn Phe Pro Ile Leu Ser Leu Val Gln

340 345 350

Met Ser Ala Val Lys Val Asn Leu Tyr Gln Asn Ala Leu Leu Ser Pro

355 360 365

Phe Trp Asn Ile Asn Ala His Ser Val Val Tyr Ile Thr Gln Gly Arg

370 375 380

Ala Arg Val Gln Val Val Asn Asn Asn Gly Lys Thr Val Phe Asn Gly

385 390 395 400

Glu Leu Arg Arg Gly Gln Leu Leu Ile Ile Pro Gln His Tyr Ala Val

405 410 415

Val Lys Lys Ala Gln Arg Glu Gly Cys Ala Tyr Ile Ala Phe Lys Thr

420 425 430

Asn Pro Asn Ser Met Val Ser His Ile Ala Gly Lys Ser Ser Ile Phe

435 440 445

Arg Ala Leu Pro Asn Asp Val Leu Ala Asn Ala Tyr Arg Ile Ser Arg

450 455 460

Glu Glu Ala Gln Arg Leu Lys His Asn Arg Gly Asp Glu Phe Gly Ala

465 470 475 480

Phe Thr Pro Ile Gln Tyr Lys Ser Tyr Gln Asp Val Tyr Asn Ala Ala

485 490 495

Glu Ser Ser

<210> 12

<211> 499

<212> PRT

<213> Oryza sativa

<400> 12

Met Ala Ser Ile Asn Arg Pro Ile Val Phe Phe Thr Val Cys Leu Phe

1 5 10 15

Leu Leu Cys Asp Gly Ser Leu Ala Gln Gln Leu Leu Gly Gln Ser Thr

20 25 30

Ser Gln Trp Gln Ser Ser Arg Arg Gly Ser Pro Arg Gly Cys Arg Phe

35 40 45

Asp Arg Leu Gln Ala Phe Glu Pro Ile Arg Ser Val Arg Ser Gln Ala

50 55 60

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

65 70 75 80

Gly Val Ser Val Val Arg Arg Val Ile Glu Pro Arg Gly Leu Leu Leu

85 90 95

Pro His Tyr Thr Asn Gly Ala Ser Leu Val Tyr Ile Ile Gln Gly Arg

100 105 110

Gly Ile Thr Gly Pro Thr Phe Pro Gly Cys Pro Glu Thr Tyr Gln Gln

115 120 125

Gln Phe Gln Gln Ser Gly Gln Ala Gln Leu Thr Glu Ser Gln Ser Gln

130 135 140

Ser His Lys Phe Lys Asp Glu His Gln Lys Ile His Arg Phe Arg Gln

145 150 155 160

Gly Asp Val Ile Ala Leu Pro Ala Gly Val Ala His Trp Cys Tyr Asn

165 170 175

Asp Gly Glu Val Pro Val Val Ala Ile Tyr Val Thr Asp Ile Asn Asn

180 185 190

Gly Ala Asn Gln Leu Asp Pro Arg Gln Arg Asp Phe Leu Leu Ala Gly

195 200 205

Asn Lys Arg Asn Pro Gln Ala Tyr Arg Arg Glu Val Glu Glu Trp Ser

210 215 220

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

225						230						235						240
Gly	Ile	Ser	Asn	Gln	Val	Ala	Arg	Gln	Leu	Gln	Cys	Gln	Asn	Asp	Gln			
					245						250						255	
Arg	Gly	Glu	Ile	Val	Arg	Val	Glu	Arg	Gly	Leu	Ser	Leu	Leu	Gln	Pro			
					260						265						270	
Tyr	Ala	Ser	Leu	Gln	Glu	Gln	Glu	Gln	Gly	Gln	Met	Gln	Ser	Arg	Glu			
					275						280						285	
His	Tyr	Gln	Glu	Gly	Gly	Tyr	Gln	Gln	Ser	Gln	Tyr	Gly	Ser	Gly	Cys			
					290						295						300	
Pro	Asn	Gly	Leu	Asp	Glu	Thr	Phe	Cys	Thr	Met	Arg	Val	Arg	Gln	Asn			
					310						315						320	
Ile	Asp	Asn	Pro	Asn	Arg	Ala	Asp	Thr	Tyr	Asn	Pro	Arg	Ala	Gly	Arg			
					325						330						335	
Val	Thr	Asn	Leu	Asn	Ser	Gln	Asn	Phe	Pro	Ile	Leu	Asn	Leu	Val	Gln			
					340						345						350	
Met	Ser	Ala	Val	Lys	Val	Asn	Leu	Tyr	Gln	Asn	Ala	Leu	Leu	Ser	Pro			
					355						360						365	
Phe	Trp	Asn	Ile	Asn	Ala	His	Ser	Ile	Val	Tyr	Ile	Thr	Gln	Gly	Arg			
					370						375						380	
Ala	Gln	Val	Gln	Val	Val	Asn	Asn	Asn	Gly	Lys	Thr	Val	Phe	Asn	Gly			
					390						395						400	
Glu	Leu	Arg	Arg	Gly	Gln	Leu	Leu	Ile	Val	Pro	Gln	His	Tyr	Val	Val			
					405						410						415	
Val	Lys	Lys	Ala	Gln	Arg	Glu	Gly	Cys	Ala	Tyr	Ile	Ala	Phe	Lys	Thr			
					420						425						430	
Asn	Pro	Asn	Ser	Met	Val	Ser	His	Ile	Ala	Gly	Lys	Ser	Ser	Ile	Phe			
					435						440						445	
Arg	Ala	Leu	Pro	Thr	Asp	Val	Leu	Ala	Asn	Ala	Tyr	Arg	Ile	Ser	Arg			
					450						455						460	
Glu	Glu	Ala	Gln	Arg	Leu	Lys	His	Asn	Arg	Gly	Asp	Glu	Phe	Gly	Ala			
					465						470						475	480

Phe Thr Pro Leu Gln Tyr Lys Ser Tyr Gln Asp Val Tyr Asn Val Ala

485

490

495

Glu Ser Ser

<210> 13

<211> 160

<212> PRT

<213> *Oryza sativa*

<400> 13

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

1 5 10 15

Ser Val Leu Ala Ala Thr Ala Thr Met Ala Glu Tyr His His Gln Asp

20 25 30

Gln Val Val Tyr Thr Pro Gly Pro Leu Cys Gln Pro Gly Met Gly Tyr

35 40 45

Pro Met Tyr Pro Leu Pro Arg Cys Arg Ala Leu Val Lys Arg Gln Cys

50 55 60

Val Gly Arg Gly Thr Ala Ala Ala Ala Glu Gln Val Arg Arg Asp Cys

65 70 75 80

Cys Arg Gln Leu Ala Ala Val Asp Asp Ser Trp Cys Arg Cys Glu Ala

85 90 95

Ile Ser His Met Leu Gly Gly Ile Tyr Arg Glu Leu Gly Ala Pro Asp

100 105 110

Val Gly His Pro Met Ser Glu Val Phe Arg Gly Cys Arg Arg Gly Asp

115 120 125

Leu Glu Arg Ala Ala Ala Ser Leu Pro Ala Phe Cys Asn Val Asp Ile

130 135 140

Pro Asn Gly Gly Gly Gly Val Cys Tyr Trp Leu Ala Arg Ser Gly Tyr

145 150 155 160

<210> 14

<211> 336

<212> PRT

<213> Staphylococcus aureus

<400> 14

Met Lys Gly Lys Phe Leu Lys Val Ser Ser Leu Phe Val Ala Thr Leu
1 5 10 15

Thr Thr Ala Thr Leu Val Ser Ser Pro Ala Ala Asn Ala Leu Ser Ser
20 25 30

Lys Ala Met Asp Asn His Pro Gln Gln Thr Gln Ser Ser Lys Gln Gln
35 40 45

Thr Pro Lys Ile Gln Lys Gly Gly Asn Leu Lys Pro Leu Glu Gln Arg
50 55 60

Glu His Ala Asn Val Ile Leu Pro Asn Asn Asp Arg His Gln Ile Thr
65 70 75 80

Asp Thr Thr Asn Gly His Tyr Ala Pro Val Thr Tyr Ile Gln Val Glu
85 90 95

Ala Pro Thr Gly Thr Phe Ile Ala Ser Gly Val Val Val Gly Lys Asp
100 105 110

Thr Leu Leu Thr Asn Lys His Val Val Asp Ala Thr His Gly Asp Pro
115 120 125

His Ala Leu Lys Ala Phe Pro Ser Ala Ile Asn Gln Asp Asn Tyr Pro
130 135 140

Asn Gly Gly Phe Thr Ala Glu Gln Ile Thr Lys Tyr Ser Gly Glu Gly
145 150 155 160

Asp Leu Ala Ile Val Lys Phe Ser Pro Asn Glu Gln Asn Lys His Ile
165 170 175

Gly Glu Val Val Lys Pro Ala Thr Met Ser Asn Asn Ala Glu Thr Gln
180 185 190

Val Asn Gln Asn Ile Thr Val Thr Gly Tyr Pro Gly Asp Lys Pro Val
195 200 205

Ala Thr Met Trp Glu Ser Lys Gly Lys Ile Thr Tyr Leu Lys Gly Glu
210 215 220

Ala Met Gln Tyr Asp Leu Ser Thr Thr Gly Gly Asn Ser Gly Ser Pro

225 230 235 240
Val Phe Asn Glu Lys Asn Glu Val Ile Gly Ile His Trp Gly Gly Val
 245 250 255
Pro Asn Glu Phe Asn Gly Ala Val Phe Ile Asn Glu Asn Val Arg Asn
 260 265 270

Phe Leu Lys Gln Asn Ile Glu Asp Ile His Phe Ala Asn Asp Asp Gln
 275 280 285
Pro Asn Asn Pro Asp Asn Pro Asp Asn Pro Asn Asn Pro Asp Asn Pro
 290 295 300
Asn Asn Pro Asp Glu Pro Asn Asn Pro Asp Asn Pro Asn Asn Pro Asp
305 310 315 320
Asn Pro Asp Asn Gly Asp Asn Asn Asn Ser Asp Asn Pro Asp Ala Ala
 325 330 335

<210> 15

<211> 13

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 1

<400> 15

Gln Asn Tyr Leu Ser Gly Phe Ser Lys Asn Ile Leu Glu

1 5 10

<210> 16

<211> 20

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 1

<400> 16

Thr Ile Lys Leu Pro Ala Gly Thr Ile Ala Tyr Leu Val Asn Arg Asp

1 5 10 15

Asp Asn Glu Glu

20

<210> 17

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 1

<400> 17

Leu Ala Ile Pro Val Asn Arg Pro Gly Gln Leu Gln Ser Phe Leu

1 5 10 15

<210> 18

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 1

<400> 18

Ala Ile Pro Val Asn Arg Pro Gly Gln Leu Gln

1 5 10

<210> 19

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 1

<400> 19

Pro Ala Gly His Pro Val Ala Val Lys

1 5

<210> 20

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT FOR SEQ ID 1

<400> 20

Val Gln Asn Tyr Lys Ala Lys Leu Ser Ser Gly Asp Val Phe Val Ile

1 5 10 15

Pro Ala Gly

<210> 21

<211> 24

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 1

<400> 21

Asn Asn Gln Arg Asn Phe Leu Ala Gly Asp Glu Asp Asn Val Ile Ser

1 5 10 15

Gln Ile Gln Arg Pro Val Lys Glu

20

<210> 22

<211> 23

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 1

<400> 22

Ile Asn Lys Gln Val Gln Asn Tyr Lys Ala Lys Leu Ser Ser Gly Asp

1 5 10 15

Val Phe Val Ile Pro Ala Gly

20

<210> 23

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

><223> FRAGMENT OF SEQ ID 1

<400> 23

Leu Ala Ile Pro Val Asn Arg Pro Gly Gln

1 5 10

<210> 24

<211> 20

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 1

<400> 24

Asn Phe Leu Ala Gly Asp Glu Asp Asn Val Ile Ser Gln Ile Gln Arg

1 5 10 15

Pro Val Lys Glu

20

<210> 25

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 1

<

400> 25

Asp Leu Ala Ile Pro Val Asn Arg Pro Gly Gln Leu Gln Ser Phe

1 5 10 15

<210> 26

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 1

<400> 26

Val Ile Pro Ala Gly His Pro Val Ala Val Lys

1 5 10

<210> 27

<211> 21

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 1

<400> 27

Asp Thr Ile Lys Leu Pro Ala Gly Thr Ile Ala Tyr Leu Val Asn Arg

1 5 10 15

Asp Asp Asn Glu Glu

20

<210> 28

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 1

<400> 28

Leu Ala Ile Pro Val Asn Arg Pro Gly Gln Leu Gln Ser Phe

1 5 10

<210> 29

<211> 21

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 1

<400> 29

Lys Gln Val Gln Asn Tyr Lys Ala Lys Leu Ser Ser Gly Asp Val Phe

1 5 10 15

Val Ile Pro Ala Gly

20

<210> 30

<211> 23

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT SEQ ID 1

<400> 30

Arg Gly Asp Thr Ile Lys Leu Pro Ala Gly Thr Ile Ala Tyr Leu Val

1 5 10 15

Asn Arg Asp Asp Asn Glu Glu

20

<210> 31

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 1

<400> 31

Phe Leu Ala Gly Asp Glu Asp Asn Val Ile Ser Gln Ile Gln Arg Pro

1 5 10 15

Val Lys Glu

<210> 32

<211> 13

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 1

<400> 32

Leu Ala Ile Pro Val Asn Arg Pro Gly Gln Leu Gln Ser

1 5 10

<210> 33

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 1

<400> 33

Val Leu Asp Leu Ala Ile Pro Val Asn Arg Pro Gly Gln Leu Gln

1 5 10 15

<210> 34

<211> 13

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 1

<400> 34

Asp Leu Ala Ile Pro Val Asn Arg Pro Gly Gln Leu Gln

1 5 10

<210> 35

<211> 13

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 1

<400> 35

Val Phe Val Ile Pro Ala Gly His Pro Val Ala Val Lys

1 5 10

<210> 36

<211> 20

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 1

<400> 36

Thr Ile Phe Leu Pro Gln His Thr Asp Ala Asp Tyr Ile Leu Val Val

1 5 10 15

Leu Ser Gly Lys

20

<210> 37

<211> 23

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 1

<400> 37

Asn Gln Arg Asn Phe Leu Ala Gly Asp Glu Asp Asn Val Ile Ser Gln

1 5 10 15

Ile Gln Arg Pro Val Lys Glu

20

<210> 38

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 1

<400> 38

Leu Ala Ile Pro Val Asn Arg Pro Gly Gln Leu Gln

1 5 10

<210> 39

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 1

<400> 39

His Pro Val Ala Val Lys Ala Ser Ser Asn Leu Asp Leu Leu Gly Phe

1 5 10 15

Gly

<210> 40

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 1

<400> 40

Leu Ala Ile Pro Val Asn Arg Pro Gly Gln Leu

1 5 10

<210> 41

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT SEQ ID 1

<400> 41

Asp Leu Ala Ile Pro Val Asn Arg Pro Gly Gln Leu

1 5 10

<210> 42

<211> 24

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 1

<400> 42

Ser Lys Pro His Thr Ile Phe Leu Pro Gln His Thr Asp Ala Asp Tyr

1 5 10 15

Ile Leu Val Val Leu Ser Gly Lys

20

<210> 43

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 1

<400> 43

Phe Val Ile Pro Ala Gly His Pro Val Ala Val Lys

1 5 10

<210> 44

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 1

<400> 44

Asp Leu Ala Ile Pro Val Asn Arg Pro Gly Gln Leu Gln Ser

1 5 10

<210> 45

<211> 22

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 1

<400> 45

Ser Gly Asp Val Phe Val Ile Pro Ala Gly His Pro Val Ala Val Lys

1 5 10 15

Ala Ser Ser Asn Leu Asp

20

<210> 46

<211> 13

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 1

<400> 46

Ala Ile Pro Val Asn Arg Pro Gly Gln Leu Gln Ser Phe

1 5 10

<210> 47

<211> 13

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 1

<400> 47

Glu Leu Ala Phe Pro Gly Ser Ala Gln Glu Val Asp Arg

1 5 10

<210> 48

<211> 18

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 1

<400> 48

Leu Ala Ile Pro Val Asn Arg Pro Gly Gln Leu Gln Ser Phe Leu Leu

1 5 10 15

Ser Gly

<210> 49

<211> 24

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 1

<400> 49

Val Phe Val Ile Pro Ala Gly His Pro Val Ala Val Lys Ala Ser Ser

1 5 10 15

Asn Leu Asp Leu Leu Gly Phe Gly

20

<210> 50

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 1

<400> 50

Ala Gly His Pro Val Ala Val Lys

1 5

<210> 51

<211> 21

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 1

<400> 51

His Pro Val Ala Val Lys Ala Ser Ser Asn Leu Asp Leu Leu Gly Phe

1 5 10 15

Gly Ile Asn Ala Glu

20

<210> 52

<211> 22

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT SEQ ID 1

<400> 52

Leu Ala Ile Pro Val Asn Arg Pro Gly Gln Leu Gln Ser Phe Leu Leu

1 5 10 15

Ser Gly Asn Gln Asn Gln

20

<210> 53

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT SEQ ID 1

<400> 53

Ser Gly Asp Val Phe Val Ile Pro Ala Gly

1 5 10

<210> 54

<211> 20

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 1

<400> 54

Gly Ser Leu Leu Leu Pro His Tyr Asn Ser Arg Ala Ile Val Ile Val

1 5 10 15

Thr Val Asn Glu

20

<210> 55

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 1

<400> 55

Asn Phe Leu Ala Gly Asp Glu Asp Asn Val Ile Ser Gln Ile Gln Arg

1 5 10 15

Pro Val Lys

<210> 56

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT SEQ ID 1

<400> 56

Ser Gly Asp Val Phe Val Ile Pro Ala Gly His Pro Val Ala

1 5 10

<210> 57

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT SEQ ID 1

<400> 57

Gly Ser Leu Leu Leu Pro His Tyr Asn Ser Arg Ala Ile Val Ile Val

1 5 10 15

<210> 58

<211> 20
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> FRAGMENT SEQ ID 1
 <400> 58
 Arg Gly Asp Thr Ile Lys Leu Pro Ala Gly Thr Ile Ala Tyr Leu Val
 1 5 10 15
 Asn Arg Asp Asp
 20

<210> 59
 <211> 16
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 1
 <400> 59
 Ser Gly Asp Val Phe Val Ile Pro Ala Gly His Pro Val Ala Val Lys
 1 5 10 15
 <210> 60
 <211> 18
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> FRAGMENT SEQ ID 1
 <400> 60
 Leu Ser Ser Gly Asp Val Phe Val Ile Pro Ala Gly His Pro Val Ala
 1 5 10 15
 Val Lys

<210>
 > 61
 <211> 13
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 1
 <400> 61

Leu Asp Leu Ala Ile Pro Val Asn Arg Pro Gly Gln Leu

1 5 10

<210> 62

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 1

<400> 62

Ala Ile Pro Val Asn Arg Pro Gly Gln Leu

1 5 10

<210> 63

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 1

<400> 63

Leu Ala Ile Pro Val Asn Arg Pro Gly Gln Leu Gln Ser Phe Leu Leu

1 5 10 15

<210> 64

<211> 22

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 1

<400> 64

Pro His Thr Ile Phe Leu Pro Gln His Thr Asp Ala Asp Tyr Ile Leu

1 5 10 15

Val Val Leu Ser Gly Lys

20

<210> 65

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

><223> FRAGMENT OF SEQ ID 1

<400> 65

Val Phe Val Ile Pro Ala Gly His Pro Val Ala Val Lys Ala Ser Ser

1 5 10 15

Asn Leu Asp

<210> 66

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 1

<400> 66

Leu Ala Ile Pro Val Asn Arg Pro Gly Gln Leu Gln Ser Phe Leu Leu

1 5 10 15

Ser

<210> 67

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 1

<400> 67

Val Leu Asp Leu Ala Ile Pro Val Asn Arg Pro Gly Gln Leu Gln Ser

1 5 10 15

Phe

<210> 68

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 1

<400> 68

Ala Ile Pro Val Asn Arg Pro Gly Gln Leu Gln Ser

1 5 10

<210> 69

<211> 20

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 1

<400>

69

Asp Thr Ile Lys Leu Pro Ala Gly Thr Ile Ala Tyr Leu Val Asn Arg

1 5 10 15

Asp Asp Asn Glu

20

<210> 70

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 1

<400> 70

Asn Tyr Lys Ala Lys Leu Ser Ser Gly Asp Val Phe Val Ile Pro Ala

1 5 10 15

Gly

<210> 71

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 1

<400> 71

Gly Lys Ala Ile Leu Thr Val Leu Lys Pro Asp Asp Arg Asn Ser Phe

1 5 10 15

Asn Leu Glu

<210> 72

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 1

<400> 72

Tyr Lys Ser Lys Pro His Thr Ile Phe Leu Pro Gln His Thr Asp Ala

1 5 10 15

Asp

<210> 73

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 1

<400> 73

Ala Ser Ser Asn Leu Asp Leu Leu Gly Phe Gly

1 5 10

<210> 74

<211> 13

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 1

<400> 74

Asp Glu Glu Glu Glu Gln Gly Glu Glu Glu Ile Asn Lys

1 5 10

<210> 75

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 1

<400> 75

Tyr Lys Ser Lys Pro His Thr Ile Phe Leu Pro Gln His Thr Asp

1 5 10 15

<210> 76

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 1

<400> 76

Val Leu Asp Leu Ala Ile Pro Val Asn Arg

1 5 10

<210> 77

<211> 25

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 1

<400> 77

Phe Phe Glu Ile Thr Pro Glu Lys Asn Pro Gln Leu Gln Asp Leu Asp

1 5 10 15

Ile Phe Val Asn Ser Val Glu Ile Lys

20 25

<210> 78

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 1

<400> 78

Thr Ile Phe Leu Pro Gln His Thr Asp Ala Asp Tyr Ile Leu

1 5 10

<210> 79

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 1

<400> 79

Ser Phe Leu Leu Ser Gly Asn Gln Asn Gln Gln Asn Tyr Leu Ser Gly

1 5 10 15

<210> 80

<211> 18

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 1

<400> 80

Ser Phe Leu Leu Ser Gly Asn Gln Asn Gln Gln Asn Tyr Leu Ser Gly

1 5 10 15

Phe Ser

<210> 81

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 1

<400> 81

Asn Gln Gln Glu Gln Arg Lys Glu Asp Asp Glu Glu Glu Glu Gln Gly

1 5 10 15

Glu Glu Glu

<210> 82

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 1

<400> 82

Glu Glu Gln Gly Glu Glu Glu Ile Asn Lys

1 5 10

<210> 83

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 1

<400> 83

Ser Arg Gly Pro Ile Tyr Ser Asn Glu

1 5

<210> 84

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 1

<400> 84

Glu Asp Asp Glu Glu Glu Glu Gln Gly Glu Glu Glu Ile Asn Lys

1 5 10 15

<210> 85

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 1

<400> 85

Asp Asp Glu Glu Glu Glu Gln Gly Glu Glu Glu Ile Asn Lys

1 5 10

<210> 86

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 1

<400> 86

Lys Glu Asp Asp Glu Glu Glu Glu Gln Gly Glu Glu Glu Ile Asn

1 5 10 15

<210> 87

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 1

<400> 87

Lys Glu Asp Asp Glu Glu Glu Glu Gln Gly Glu Glu

1 5 10

<210> 88

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 1

<400> 88

Gln Arg Lys Glu Asp Asp Glu Glu Glu Glu Gln Gly Glu Glu Glu

1 5 10 15

<210> 89

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 1

<400> 89

Lys Glu Asp Asp Glu Glu Glu Glu Gln Gly Glu Glu Glu Ile Asn Lys

1 5 10 15

<210> 90

<211> 13

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 1

<400> 90

Lys Glu Asp Asp Glu Glu Glu Glu Gln Gly Glu Glu Glu

1 5 10

<210> 91

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 2

<400> 91

His Pro Val Ala Ile Thr Ala Ser Ser Asn Leu Asn Leu Leu Gly

1 5 10 15

<210> 92

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 2

<400> 92

Ala Ser Ser Asn Leu Asn Leu Leu Gly Phe Gly

1 5 10

<210> 93

<211> 13

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 2

<400> 93

Ile Thr Ala Ser Ser Asn Leu Asn Leu Leu Gly Phe Gly

1 5 10

<210> 94

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 2

<400> 94

Ile Thr Ala Ser Ser Asn Leu Asn Leu Leu Gly Phe Gly Ile Asn Ala

1 5 10 15

Glu

<210> 95

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 2

<400> 95

Ser Ser Asn Leu Asn Leu Leu Gly Phe Gly

1 5 10

<210> 96

<211> 13

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 2

<400> 96

Val Asp Leu Val Ile Pro Val Asn Gly Pro Gly Lys Phe

1 5 10

<210> 97

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 2

<400> 97

Leu Val Ile Pro Val Asn Gly Pro Gly Lys Phe Glu

1 5 10

<210> 98

<211> 13

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 2

<400> 98

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

1 5 10

<210> 99

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 2

<400> 99

Leu Arg Leu Val Asp Leu Val Ile Pro Val Asn Gly Pro Gly Lys Phe

1 5 10 15

Glu

<210> 100

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 2

<400> 100

Tyr Arg Ala Lys Pro His Thr Ile Phe Leu Pro Gln His Ile Asp Ala

1 5 10 15

Asp

<210> 101

<211> 21

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 2

<400> 101

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

1 5 10 15

Gly Ile Asn Ala Glu

20

<210> 102

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 2

<400> 102

Ser Asn Leu Asn Leu Leu Gly Phe Gly

1 5

<210> 103

<211>

> 24

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 2

<400> 103

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

1 5 10 15

Gly Ile Asn Ala Glu Asn Asn Glu

20

<210> 104

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 2

<400> 104

Leu Val Asp Leu Val Ile Pro Val Asn Gly Pro Gly Lys Phe Glu

1 5 10 15

<210> 105

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 2

<400> 105

Leu Val Ile Pro Val Asn Gly Pro Gly Lys Phe

1 5 10

<210> 106

<211> 18

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 2

<400> 106

Thr Ile Lys Leu Pro Ala Gly Thr Thr Ser Tyr Leu Val Asn Gln Asp

1 5 10 15

Asp Glu

<210> 107

<211> 18

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 2

<400> 107

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

1 5 10 15

Phe Glu

<210> 108

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 2

<400> 108

Glu Asp Leu Arg Leu Val Asp Leu Val Ile Pro Val Asn Gly Pro Gly

1 5 10 15

Lys Phe Glu

<210>

109

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 2

<400> 109

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

1 5 10 15

Gly

<210> 110

<211> 21

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 2

<400> 110

Leu Val Asp Leu Val Ile Pro Val Asn Gly Pro Gly Lys Phe Glu Ala

1 5 10 15

Phe Asp Leu Ala Lys

20

<210> 111

<211> 13

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 2

<400> 111

Asp Asn Val Ile Ser Gln Ile Glu Asn Pro Val Lys Glu

1 5 10

<210> 112

<211> 24

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 2

<400> 112

Val Val Ile Ile Pro Ala Gly His Pro Val Ala Ile Thr Ala Ser Ser

1 5 10 15

Asn Leu Asn Leu Leu Gly Phe Gly

20

<210> 113

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 2

<400> 113

Leu Val Asp Leu Val Ile Pro Val Asn Gly Pro Gly Lys Phe Glu Ala

1 5 10 15

Phe

<210> 114

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 2

<400> 114

Tyr Pro Gln Leu Gln Asp Leu Asp Leu

1 5

<210> 115

<211> 10

<

212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 2

<400> 115

Val Ile Pro Val Asn Gly Pro Gly Lys Phe

1 5 10

<210> 116

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 2

<400> 116

Ser Lys Lys Ser Leu Pro Ser Glu

1 5

<210> 117

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 2

<400> 117

Leu Pro Gln His Ile Asp Ala Asp Leu Ile Leu Val Val Leu Ser Gly

1 5 10 15

Lys

<210> 118

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 2

<400> 118

Arg Gly Asp Thr Ile Lys Leu Pro Ala Gly Thr Thr Ser Tyr Leu Val

1 5 10 15

Asn Gln Asp

<210> 119

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 2

<400> 119

Ile Pro Val Asn Gly Pro Gly Lys Phe

1 5

<210> 120

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 2

<400> 120

Leu Pro Gln His Ile Asp Ala Asp Leu

1 5

<210> 121

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 2

<400> 121

Leu Val Ile Pro Val Asn Gly Pro Gly Lys

1 5 10

<210> 122

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 2

<400> 122

Ile Phe Leu Pro Gln His Ile Asp Ala Asp

1 5 10

<210> 123

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 2

<400> 123

Leu Pro Gln His Ile Asp Ala Asp

1 5

<210> 124

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 2

<400> 124

Val Ile Pro Val Asn Gly Pro Gly Lys

1 5

<210> 125

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 2

<400> 125

Ile Phe Leu Pro Gln His Ile Asp Ala

1 5

<210> 126

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 2

<400> 126

Thr Ile Lys Leu Pro Ala Gly Thr Thr Ser Tyr Leu Val Asn Gln Asp

1 5 10 15

Asp Glu Glu

<210> 127

<211> 21

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 2

<400> 127

His Gly Glu Trp Arg Pro Ser Tyr Glu Lys Glu Glu Asp Glu Glu Glu

1 5 10 15

Gly Gln Arg Glu Arg

20

<210> 128

<211> 23

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 2

<400> 128

Glu Lys Arg His Gly Glu Trp Arg Pro Ser Tyr Glu Lys Glu Glu Asp

1 5 10 15

Glu Glu Glu Gly Gln Arg Glu

20

<210> 129

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> EKRHGEWRPSYEKEEDEEEGQRE

<400> 129

Leu Pro Ala Gly Thr Thr Ser Tyr Leu Val Asn Gln Asp Asp Glu Glu

1 5 10 15

Asp Leu Arg

<210> 130

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> EKRHGEWRPSYEKEEDEEEGQRE

<400> 130

Pro Ser Tyr Glu Lys Glu Glu Asp Glu Glu Glu Gly Gln Arg Glu Arg

1 5 10 15

<210> 131

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> EKRHGEWRPSYEKEEDEEEGQRE

<400> 131

Glu Lys Arg His Gly Glu Trp Arg Pro Ser Tyr Glu

1 5 10

<210> 132

<211> 20

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> EKRHGEWRPSYEKEEDEEEGQRE

<400> 132

Thr Ile Lys Leu Pro Ala Gly Thr Thr Ser Tyr Leu Val Asn Gln Asp

1 5 10 15

Asp Glu Glu Asp

20

<210> 133

<211> 17
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> EKRHGEWRPSYEKEEDEEEGQRE
 <400> 133

His Gly Glu Trp Arg Pro Ser Tyr Glu Lys Gln Glu Asp Glu Glu Glu
 1 5 10 15
 Lys

<210> 134
 <211> 14
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 2
 <400> 134

Glu Trp Arg Pro Ser Tyr Glu Lys Glu Glu Asp Glu Glu Glu
 1 5 10

<210> 135
 <211> 14
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 2
 <400> 135

Pro Ser Tyr Glu Lys Glu Glu Asp Glu Glu Glu Gly Gln Arg

1 5 10

<210> 136
 <211> 11
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 2
 <400> 136

Glu Lys Glu Glu Asp Glu Glu Glu Gly Gln Arg
 1 5 10

<210> 137

<211> 18

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 2

<400> 137

Glu Trp Arg Pro Ser Tyr Glu Lys Glu Glu Asp Glu Glu Glu Gly Gln

1 5 10 15

Arg Glu

<210> 138

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 2

<400> 138

Lys Glu Glu Asp Glu Glu Glu Gly Gln Arg

1 5 10

<210> 139

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 2

<400> 139

Val Gln Pro Gly Arg Glu Arg Trp Glu Arg Glu Glu Asp Glu Glu Gln

1 5 10 15

Val Asp Glu

<210> 140

<211>

> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 2

<400> 140

Asp Val Val Ile Ile Pro Ala Gly His Pro Val Ala

1 5 10

<210> 141

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 2

<400> 141

His Gly Glu Trp Arg Pro Ser Tyr Glu Lys Gln Glu Asp Glu

1 5 10

<210> 142

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 2

<400> 142

Glu Glu Asp Glu Glu Glu Gly Gln Arg

1 5

<210> 143

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 2

<400> 143

His Gly Glu Trp Arg Pro Ser Tyr Glu Lys Glu Glu Asp Glu Glu Glu

1 5 10 15

Gly Gln Arg

<210> 144

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 2

<400> 144

Glu Glu Trp Arg Gly Ser Gln Arg Arg Glu Asp Pro Glu Glu

1 5 10

<210> 145

<211> 23

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 2

<400> 145

Arg Glu Glu Asp Glu Glu Gln Val Asp Glu Glu Trp Arg Gly Ser Gln

1 5 10 15

Arg Arg Glu Asp Pro Glu Glu

20

<210> 146

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 2

<400> 146

Arg His Gly Glu Trp Arg Pro Ser Tyr

1 5

<210> 147

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 2

<400> 147

His Gly Glu Trp Arg Pro Ser Tyr Glu Lys Gln Glu Asp Glu Glu

1 5 10 15

<210> 148

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 2

<400> 148

Val Val Ile Ile Pro Ala Gly His Pro Val Ala

1 5 10

<210> 149

<211> 9

<212

> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 2

<400> 149

His Gly Glu Trp Arg Pro Ser Tyr Glu

1 5

<210> 150

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 2

<400> 150

Lys Glu Glu Asp Glu Glu Glu Gly Gln Arg Glu Arg

1 5 10

<210> 151

<211> 13

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 2

<400> 151

Val Val Ile Ile Pro Ala Gly His Pro Val Ala Ile Thr

1 5 10

<210> 152

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 2

<400> 152

Glu Lys Arg His Gly Glu Trp Arg Pro Ser Tyr Glu Lys Glu Glu Asp

1 5 10 15

Glu

<210> 153

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 2

<400> 153

Gln Val Asp Glu Glu Trp Arg Gly Ser Gln Arg Arg Glu Asp Pro Glu

1 5 10 15

Glu

<210> 154

<211> 24

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 2

<400> 154

Gly Asp Thr Ile Lys Leu Pro Ala Gly Thr Thr Ser Tyr Leu Val Asn

1 5 10 15

Gln Asp Asp Glu Glu Asp Leu Arg

20

<210> 155

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 2

<400> 155

Gly Ser Glu Pro Arg Val Pro Ala Gln Arg Glu

1 5 10

<210> 156

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 2

<400> 156

Glu Glu Lys Arg His Gly Glu Trp Arg Pro Ser Tyr Glu Lys Glu

1 5 10 15

<210> 157

<211> 13

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 2

<400> 157

Glu Trp Arg Pro Ser Tyr Glu Lys Glu Glu Asp Glu Glu

1 5 10

<210> 158

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 2

<400> 158

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

1 5 10 15

<210> 159

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 2

<400> 159

Val Ile Ile Pro Ala Gly His Pro Val Ala Ile Thr

1 5 10

<210> 160

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 2

<400> 160

Arg His Gly Glu Trp Arg Pro Ser Tyr Glu Lys

1 5 10

<210> 161

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 2

<400> 161

Asn Tyr Asp Glu Gly Ser Glu Pro Arg

1 5

<210> 162

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 2

<400> 162

Trp Arg Pro Ser Tyr Glu Lys Glu Glu Asp Glu Glu

1 5 10

<210> 163

<211> 13

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 2

<400> 163

Trp Arg Pro Ser Tyr Glu Lys Gln Glu Asp Glu Glu Glu

1 5 10

<210> 164

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 2

<400> 164

Glu Lys Arg His Gly Glu Trp Arg Pro Ser Tyr Glu Lys Gln Glu Asp

1 5 10 15

Glu Glu Glu

<210> 165

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 2

<400> 165

Val Val Ile Ile Pro Ala Gly His Pro Val Ala Ile Thr Ala

1 5 10

<210> 166

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 2

<400> 166

Lys Arg His Gly Glu Trp Arg Pro Ser Tyr Glu

1 5 10

<210> 167

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 2

<400> 167

Gly Ser Asp Asp Asn Val Ile Ser Gln Ile Glu Asn Pro Val Lys Glu

1 5 10 15

<210> 168

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 2

<400> 168

Val Val Ile Ile Pro Ala Gly His Pro Val

1 5 10

<210> 169

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 2

<400> 169

His Gly Glu Trp Arg Pro Ser Tyr

1 5

<210> 170

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 2

<400> 170

Arg Pro Ser Tyr Glu Lys Glu Glu Asp Glu Glu Gly Gln Arg

1 5 10 15

<210> 171

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 2

<400> 171

His Gly Glu Trp Arg Pro Ser Tyr Glu Lys

1 5 10

<210> 172

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 2

<400> 172

Lys Arg His Gly Glu Trp Arg Pro Ser Tyr Glu Lys Glu Glu

1 5 10

<210> 173

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 2

<400> 173

Val Val Ile Ile Pro Ala Gly His Pro Val Ala Ile Thr Ala Ser

1 5 10 15

<210> 174

<211> 23

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 2

<400> 174

Arg Gly Asp Thr Ile Lys Leu Pro Ala Gly Thr Thr Ser Tyr Leu Val

1 5 10 15

Asn Gln Asp Asp Glu Glu Asp

20

<210> 175

<211> 18

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 2

<400> 175

Lys Arg His Gly Glu Trp Arg Pro Ser Tyr Glu Lys Gln Glu Asp Glu

1 5 10 15

Glu Glu

<210> 176

<211> 20
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 2
 <400> 176
 Asp Glu Glu Gln Val Asp Glu Glu Trp Arg Gly Ser Gln Arg Arg Glu
 1 5 10 15

Asp Pro Glu Glu
 20
 <210> 177
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 2
 <400> 177

Arg His Gly Glu Trp Arg Pro Ser Tyr Glu
 1 5 10
 <210> 178
 <211> 11
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 2
 <400> 178

His Gly Glu Trp Arg Pro Ser Tyr Glu Lys Glu
 1 5 10
 <210> 179
 <211> 18
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <

220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 2
 <400> 179
 Lys Arg His Gly Glu Trp Arg Pro Ser Tyr Glu Lys Glu Glu Asp Glu
 1 5 10 15

Glu Glu

<210> 180

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 2

<400> 180

Glu Lys Arg His Gly Glu Trp Arg Pro Ser Tyr Glu Lys Glu Glu Asp

1 5 10 15

Glu Glu Glu

<210> 181

<211> 25

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 2

<400> 181

Thr Ile Lys Leu Pro Ala Gly Thr Thr Ser Tyr Leu Val Asn Gln Asp

1 5 10 15

Asp Glu Glu Asp Leu Arg Leu Val Asp

20 25

<210> 182

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 2

<400> 182

Trp Arg Pro Ser Tyr Glu Lys Glu Glu Asp Glu Glu Glu Gly Gln Arg

1 5 10 15

Glu

<210> 183

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 2

<400> 183

Lys Arg His Gly Glu Trp Arg Pro Ser Tyr Glu Lys Glu Glu Asp Glu

1 5 10 15

Glu

<210> 184

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 2

<400> 184

Val Val Ile Ile Pro Ala Gly His Pro Val Ala Ile

1 5 10

<210> 185

<211> 13

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 2

<400> 185

Glu Trp Arg Gly Ser Gln Arg Arg Glu Asp Pro Glu Glu

1 5 10

<210> 186

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 2

<400> 186

His Gly Glu Trp Arg Pro Ser Tyr Glu Lys Gln Glu Asp Glu Glu Glu

1 5 10 15

Lys Gln Lys

<210> 187

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 2

<400> 187

Ser Gly Ser Asp Asp Asn Val Ile Ser Gln Ile Glu Asn Pro Val Lys

1 5 10 15

Glu

<210> 188

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 2

<400> 188

Arg Pro Ser Tyr Glu Lys Glu Glu Asp Glu Glu Gly Gln Arg Glu

1 5 10 15

Arg

<210> 189

<211> 13

<212>

> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 2

<400> 189

Glu Lys Glu Glu Asp Glu Glu Glu Gly Gln Arg Glu Arg

1 5 10

<210> 190

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 2

<400> 190

His Gly Glu Trp Arg Pro Ser Tyr Glu Lys Gln

1 5 10

<210> 191

<211> 13

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 2

<400> 191

Trp Arg Pro Ser Tyr Glu Lys Glu Glu Asp Glu Glu Glu

1 5 10

<210> 192

<211> 13

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 2

<400> 192

Leu Ala Lys Asn Lys Asn Gln Tyr Leu Arg Gly Phe Ser

1 5 10

<210> 193

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 2

<400> 193

Asn Lys Asn Gln Tyr Leu Arg Gly Phe Ser

1 5 10

<210> 194

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 2

<400> 194

Leu Arg Gly Phe Ser Lys Asn Ile Leu Glu

1 5 10

<210> 195

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 2

<400> 195

Leu Ala Lys Asn Lys Asn Gln Tyr Leu Arg Gly Phe Ser Lys Asn

1 5 10 15

<210> 196

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><

223> FRAGMENT OF SEQ ID 2

<400> 196

Thr Val Leu Ser Pro Asn Asp Arg Asn Ser Tyr

1 5 10

<210> 197

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 2

<400> 197

Gln Tyr Leu Arg Gly Phe Ser Lys Asn Ile Leu Glu

1 5 10

<210> 198

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 2

<400> 198

Gly Lys Ala Ile Leu Thr Val Leu Ser Pro Asn Asp Arg Asn Ser Tyr

1 5 10 15

Asn Leu Glu

<210> 199

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 2

<400> 199

Arg Gly Phe Ser Lys Asn Ile Leu Glu

1 5

<210> 200

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 2

<400> 200

Asn Lys Asn Gln Tyr Leu Arg Gly Phe Ser Lys Asn Ile Leu Glu

1 5 10 15

<210> 201

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 2

<400> 201

Ala Ser Ser Asn Leu Asn Leu Leu Gly Phe Gly Ile Asn Ala Glu

1 5 10 15

<210> 202

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 2

<400> 202

Ala Ser Ser Asn Leu Asn Leu Leu Gly Phe

1 5 10

<210> 203

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><

223> FRAGMENT OF SEQ ID 2

<400> 203

Leu Ala Lys Asn Lys Asn Gln Tyr Leu Arg Gly Phe Ser Lys

1 5 10

<210> 204

<211> 22

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 2

<400> 204

Arg Gly Asp Thr Ile Lys Leu Pro Ala Gly Thr Thr Ser Tyr Leu Val

1 5 10 15

Asn Gln Asp Asp Glu Glu

20

<210> 205

<211> 24

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 2

<400> 205

Ala Arg Leu Ser Pro Gly Asp Val Val Ile Ile Pro Ala Gly His Pro

1 5 10 15

Val Ala Ile Thr Ala Ser Ser Asn

20

<210> 206

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 2

<400> 206

Val Gln Arg Tyr Glu Ala Arg Leu Ser Pro Gly Asp

1 5 10

<210> 207

<211> 20

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 2

<400> 207

Ala Arg Leu Ser Pro Gly Asp Val Val Ile Ile Pro Ala Gly His Pro

1 5 10 15

Val Ala Ile Thr

20

<210> 208

<211> 21

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 2

<400> 208

Arg Gly Asp Thr Ile Lys Leu Pro Ala Gly Thr Thr Ser Tyr Leu Val

1 5 10 15

Asn Gln Asp Asp Glu

20

<210>

> 209

<211> 18

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 2

<400> 209

Ala Arg Leu Ser Pro Gly Asp Val Val Ile Ile Pro Ala Gly His Pro

1 5 10 15

Val Ala

<210> 210

<211> 20

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 2

<400> 210

Gly Ala Leu Met Leu Pro His Tyr Asn Ser Arg Ala Ile Val Val Leu

1 5 10 15

Leu Val Asn Glu

20

<210> 211

<211> 23

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 2

<400> 211

Ala Arg Leu Ser Pro Gly Asp Val Val Ile Ile Pro Ala Gly His Pro

1 5 10 15

Val Ala Ile Thr Ala Ser Ser

20

<210> 212

<211> 37

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 2

<400> 212

Leu Ser Pro Gly Asp Val Val Ile Ile Pro Ala Gly His Pro Val Ala

1 5 10 15

Ile Thr Ala Ser Ser Asn Leu Asn Leu Leu Gly Phe Gly Ile Asn Ala

20 25 30

Glu Asn Asn Glu Arg

35

<210> 213

<211> 22

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 2

<400> 213

Ala Arg Leu Ser Pro Gly Asp Val Val Ile Ile Pro Ala Gly His Pro

1 5 10 15

Val Ala Ile Thr Ala Ser

20

<210> 214

<211> 23

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 2

<400> 214

Leu Ser Pro Gly Asp Val Val Ile Ile Pro Ala Gly His Pro Val Ala

1 5 10 15

Ile Thr Ala Ser Ser Asn Leu

20

<210> 215

<211> 21

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 2

<400> 215

Ala Arg Leu Ser Pro Gly Asp Val Val Ile Ile Pro Ala Gly His Pro

1 5 10 15

Val Ala Ile Thr Ala

20

<210> 216

<211> 28

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 3

<400> 216

Asn Trp Glu Asn Val Leu Leu Gly Leu Gly Val Ala Gly Ser Ala Pro

1 5 10 15

Gly Ile Glu Gly Asp Glu Ile Ala Pro Leu Ala Lys

20 25

<210> 217

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 3

<400> 217

Tyr Asp Gln Tyr Lys Asp Ala Trp Asp Thr Ser Val Val Ala Glu Ile

1 5 10 15

Lys

<210> 218

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 3

<400> 218

Ser Ser Phe Asp Phe Ile Asp Gly Tyr Asp Thr Pro Val Glu Gly Arg

1 5 10 15

<210> 219

<211> 13

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220

><223> FRAGMENT OF SEQ ID 3

<400> 219

Gly Pro Asp Thr Gly Val Asp Tyr Lys Asp Asn Gln Met

1 5 10

<210> 220

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 3

<400> 220

Ile Leu Asn Leu Asn Asn Asn Pro Tyr Phe Lys

1 5 10

<210> 221

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 3

<400> 221

Val Val Gly Thr Pro Ala Tyr Glu Glu

1 5

<210> 222

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 3

<400> 222

Ile Asp Gly Tyr Asp Thr Pro Val Glu Gly Arg

1 5 10

<210> 223

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 3

<400> 223

Val Val Gly Thr Pro Ala Tyr Glu

1 5

<210> 224

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 3

<400> 224

Ile Tyr Gly Pro Asp Thr Gly Val Asp Tyr Lys

1 5 10

<210> 225

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 3

<400> 225

Val Ala Gly Ser Ala Pro Gly Ile Glu Gly Asp Glu

1 5 10

<210> 226

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 3

<400> 226

Ile Tyr Gly Pro Asp Thr Gly Val Asp Tyr Lys Asp Asn Gln Met Arg

1 5 10 15

<210> 227

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 3

<400> 227

Val Val Gly Thr Pro Ala Tyr Glu Glu Met Val Arg

1 5 10

<210> 228

<211> 13

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 3

<400> 228

Asp Phe Ile Asp Gly Tyr Asp Thr Pro Val Glu Gly Arg

1 5 10

<210> 229

<211> 22

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><

223> FRAGMENT OF SEQ ID 3

<400> 229

Leu Gly Leu Gly Val Ala Gly Ser Ala Pro Gly Ile Glu Gly Asp Glu

1 5 10 15

Ile Ala Pro Leu Ala Lys

20

<210> 230

<211> 21

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 3

<400> 230

Phe Asn Ala Pro Leu Ala His Leu Ile Met Ala Gly Ala Asp Val Leu

1 5 10 15

Ala Val Pro Ser Arg

20

<210> 231

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 3

<400> 231

Leu Gly Leu Gly Val Ala Gly Ser Ala Pro Gly Ile Glu Gly Asp Glu

1 5 10 15

<210> 232

<211> 20

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 3

<400> 232

Leu Gly Leu Gly Val Ala Gly Ser Ala Pro Gly Ile Glu Gly Asp Glu

1 5 10 15

Ile Ala Pro Leu

20

<210> 233

<211> 18

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 3

<400> 233

Val Leu Thr Val Ser Pro Tyr Tyr Ala Glu Glu Leu Ile Ser Gly Ile

1 5 10 15

Ala Arg

<210> 234

<211> 13

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 3

<400> 234

Glu Ala Leu Gln Ala Glu Ala Gly Leu Pro Val Asp Arg

1 5 10

<

<210> 235

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 3

<400> 235

Leu Gly Leu Gly Val Ala Gly Ser Ala Pro Gly Ile Glu Gly Asp

1 5 10 15

<210> 236

<211> 13

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 3

<400> 236

Ile Met Ala Gly Ala Asp Val Leu Ala Val Pro Ser Arg

1 5 10

<210> 237

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 3

<400> 237

Gly Leu Gly Val Ala Gly Ser Ala Pro Gly Ile Glu Gly Asp Glu

1 5 10 15

<210> 238

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 3

<400> 238

Glu Ala Leu Gln Ala Glu Ala Gly Leu Pro Val Asp Arg Lys

1 5 10

<210> 239

<211> 21

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 3

<400> 239

Thr Gly Gly Leu Gly Asp Val Leu Gly Gly Leu Pro Pro Ala Met Ala

1 5 10 15

Ala Asn Gly His Arg

20

<210> 240

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 3

<400> 240

Leu Glu Glu Gln Lys Gly Pro Asp Val Met Ala

1 5 10

<210> 241

<211> 20

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 3

<400> 241

Leu Gly Val Ala Gly Ser Ala Pro Gly Ile Glu Gly Asp Glu Ile Ala

1 5 10 15

Pro Leu Ala Lys

20

<210> 242

<211> 21

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 3

<400> 242

Gly Leu Gly Val Ala Gly Ser Ala Pro Gly Ile Glu Gly Asp Glu Ile

1 5 10 15

Ala Pro Leu Ala Lys

20

<210> 243

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 3

<400> 243

Thr Gly Gly Leu Gly Asp Val Leu Gly Gly Leu Pro Pro Ala Met

1 5 10 15

<210> 244

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 3

<400> 244

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

1 5 10 15

Gly Asp Glu

<210> 245

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 4

<400> 245

Thr Val Phe Asp Gly Val Leu Arg Pro Gly Gln Leu

1 5 10

<210> 246

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 4

<400> 246

Arg Leu Gln Ser Gln Asn Asp Gln Arg Gly Glu Ile Ile His Val Lys

1 5 10 15

<210> 247

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 5

<400> 247

Glu Gly Tyr Tyr Gly Glu Gln Gln Gln Gln Pro Gly Met Thr Arg

1 5 10 15

<210> 248

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 5

<400> 248

Gly Tyr Tyr Gly Glu Gln Gln Gln Gln Pro Gly Met Thr Arg

1 5 10

<210> 249

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 5

<400> 249

Glu Glu Gly Tyr Tyr Gly Glu Gln Gln Gln Gln Pro Gly Met Thr Arg

1 5 10 15

<210> 250

<211> 20

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 5

<400> 250

Tyr Tyr Gly Gly Glu Gly Ser Ser Ser Glu Gln Gly Tyr Tyr Gly Glu

1 5 10 15

Gly Ser Ser Glu

20

<210> 251

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 5

<400> 251

Tyr Gly Gly Glu Gly Ser Ser Ser Glu Gln Gly Tyr Tyr Gly Glu Gly

1 5 10 15

Ser Ser Glu

<210> 252

<211>

18

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 5

<400> 252

Ser Ser Glu Glu Gly Tyr Tyr Gly Glu Gln Gln Gln Gln Pro Gly Met

1 5 10 15

Thr Arg

<210> 253

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 5

<400> 253

Ser Glu Glu Gly Tyr Tyr Gly Glu Gln Gln Gln Gln Pro Gly Met Thr

1 5 10 15

Arg

<

210> 254

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 5

<400> 254

Gln Gly Tyr Tyr Gly Glu Gly Ser Ser Glu Glu

1 5 10

<210> 255

<211> 22

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 5

<400> 255

Tyr Gly Gly Glu Gly Ser Ser Ser Glu Gln Gly Tyr Tyr Gly Glu Gly

1 5 10 15

Ser Ser Glu Glu Gly Tyr

20

<210>

256

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 5

<400> 256

Tyr Gly Glu Gln Gln Gln Gln Pro Gly Met Thr Arg

1 5 10

<210> 257

<211> 13

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 5

<400> 257

Tyr Tyr Gly Glu Gln Gln Gln Gln Pro Gly Met Thr Arg

1 5 10

<210> 258

<211> 20

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 5

<400> 258

Ser Tyr Glu Glu Ser Met Pro Met Pro Leu Glu Gln Gly Trp Ser Ser

1 5 10 15

Ser Ser Ser Glu

20

<210> 259

<211> 23

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 5

<400> 259

Tyr Tyr Gly Glu Gly Ser Ser Glu Glu Gly Tyr Tyr Gly Glu Gln Gln

1 5 10 15

Gln Gln Pro Gly Met Thr Arg

20

<210> 260

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 5

<400> 260

Gln Gln Gln Gln Pro Gly Met Thr Arg Val

1 5 10

<210> 261

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 5

<400> 261

Gly Glu Gln Gln Gln Gln Pro Gly Met Thr Arg

1 5 10

<210> 262

<211> 21

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 5

<400> 262

Ser Tyr Glu Glu Ser Met Pro Met Pro Leu Glu Gln Gly Trp Ser Ser

1 5 10 15

Ser Ser Ser Glu Tyr

20

<210> 263

<211> 23

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 5

<400> 263

Tyr Tyr Gly Gly Glu Gly Ser Ser Ser Glu Gln Gly Tyr Tyr Gly Glu

1 5 10 15

Gly Ser Ser Glu Glu Gly Tyr

20

<210> 264

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 5

<400> 264

Tyr Gly Glu Gln Gln Gln Gln Pro Gly Met Thr Arg Val Arg

1 5 10

<210> 265

<211> 21

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 5

<400> 265

Gly Glu Gly Ser Ser Glu Glu Gly Tyr Tyr Gly Glu Gln Gln Gln Gln

1 5 10 15

Pro Gly Met Thr Arg

20

<210> 266

<211> 22

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 5

<400> 266

Tyr Gly Glu Gly Ser Ser Glu Glu Gly Tyr Tyr Gly Glu Gln Gln Gln

1 5 10 15

Gln Pro Gly Met Thr Arg

20

<210> 267

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 5

<400> 267

Gln Gln Gln Gln Pro Gly Met Thr Arg Val Arg

1 5 10

<210> 268

<211> 25

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 5

<400>

> 268

Gln Tyr Ala Ala Gln Leu Pro Ser Met Cys Arg Val Glu Pro Gln Gln

1 5 10 15

Cys Ser Ile Phe Ala Ala Gly Gln Tyr

20

25

<210> 269

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 6

<400> 269

Thr Val Phe Asn Gly Val Leu Arg Pro Gly Gln Leu

1

5

10

<210> 270

<211> 13

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 6

<400> 270

Thr Val Phe Asn Gly Val Leu Arg Pro Gly Gln Leu Leu

1

5

10

<210> 271

<211> 20

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 6

<400> 271

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

1

5

10

15

Leu Val Ala Lys

20

<210> 272

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 6

<400>

272

Asn Gly Val Leu Arg Pro Gly Gln Leu

1 5

<210> 273

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 6

<400> 273

Ala Leu Val Ala Lys Arg Leu Gln Gly Gln Asn Asp Gln Arg Gly Glu

1 5 10 15

Ile

<210> 274

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 6

<400> 274

Val Pro Arg Tyr Ser Asn Thr Pro Gly Met

1 5 10

<210> 275

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 6

<400> 275

Pro Arg Tyr Ser Asn Thr Pro Gly Met Val

1 5 10

<210> 276

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 6

<400> 276

Tyr Ser Asn Thr Pro Gly Met Val Tyr

1 5

<210> 277

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 6

<400> 277

Leu Val Pro Arg Tyr Ser Asn Thr Pro Gly Met

1 5 10

<210> 278

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 6

<400> 278

Phe Tyr Asn Glu Gly Asp Ala Pro Val Val

1 5 10

<210> 279

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 6

<400> 279

Phe Tyr Asn Glu Gly Asp Ala Pro Val Val Ala Leu

1 5 10

<210> 280

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 6

<400> 280

Phe Glu Pro Leu Arg Arg Val Arg Ser Glu Ala Gly Val Thr Glu

1 5 10 15

<210> 281

<211> 13

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 6

<400> 281

Phe Tyr Asn Glu Gly Asp Ala Pro Val Val Ala Leu Tyr

1 5 10

<210> 282

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 6

<400> 282

Phe Tyr Asn Glu Gly Asp Ala Pro Val Val Ala

1 5 10

<210> 283

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 7

<400> 283

His Gly Pro Val Glu Met Pro Tyr Thr Leu Leu Tyr Pro Ser Ser Lys

1 5 10 15

<210> 284

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 8

<400> 284

Leu Asp Ala Leu Glu Pro Asp Asn Arg

1 5

<210> 285

<211> 8

<212

> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 8

<400> 285

Asp Ala Leu Glu Pro Asp Asn Arg

1 5

<210> 286

<211> 24

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 8

<400> 286

His Gly Ser Leu His Lys Asn Ala Met Phe Val Pro His Tyr Asn Leu

1 5 10 15

Asn Ala Asn Ser Ile Ile Tyr Ala

20

<210> 287

<211> 20

<212> PRT

<213

> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 8

<400> 287

Leu Ala Gly Thr Ser Ser Val Ile Asn Asn Leu Pro Leu Asp Val Val

1 5 10 15

Ala Ala Thr Phe

20

<210> 288

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 8

<400> 288

Phe Arg Glu Gly Asp Ile Ile Ala Val Pro Thr Gly Ile Val Phe Trp

1 5 10 15

<210> 289

<211> 24

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 8

<400> 289

Gly Thr Ser Ser Val Ile Asn Asn Leu Pro Leu Asp Val Val Ala Ala

1 5 10 15

Thr Phe Asn Leu Gln Arg Asn Glu

20

<210> 290

<211> 18

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 8

<400> 290

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

1 5 10 15

Pro Glu

<210> 291

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 8

<400> 291

Arg Leu Ala Gly Thr Ser Ser Val Ile Asn Asn Leu Pro Leu Asp

1 5 10 15

<210> 292

<211> 25

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 8

<400> 292

Ala Gly Thr Ser Ser Val Ile Asn Asn Leu Pro Leu Asp Val Val Ala

1 5 10 15

Ala Thr Phe Asn Leu Gln Arg Asn Glu

20 25

<210> 293

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 8

<400> 293

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

1 5 10

<210> 294

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 8

<400> 294

Leu Ala Gly Thr Ser Ser Val Ile Asn Asn Leu Pro Leu Asp Val Val

1 5 10 15

Ala

<210> 295

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 8

<400> 295

Ala Gly Thr Ser Ser Val Ile Asn Asn Leu Pro Leu Asp Val

1 5 10

<210> 296

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 8

<400> 296

Ala Gly Arg Ile Lys Thr Val Thr Ser Leu Asp Leu Pro Val Leu Arg

1 5 10 15

Trp

<210> 297

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 8

<400> 297

Ala Gly Arg Ile Lys Thr Val Thr Ser Leu Asp Leu Pro Val Leu Arg

1 5 10 15

<210> 298

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 8

<400> 298

Phe Arg Glu Gly Asp Ile Ile Ala Val Pro Thr Gly Ile Val Phe

1 5 10 15

<210> 299

<211> 13

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 8

<400> 299

Ala Gly Thr Ser Ser Val Ile Asn Asn Leu Pro Leu Asp

1 5 10

<210> 300

<211> 13

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 8

<400> 300

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

1 5 10

<210> 301

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 8

<400> 301

Leu Ala Gly Thr Ser Ser Val Ile Asn Asn Leu Pro Leu Asp Val Val

1 5 10 15

<210> 302

<211> 13

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 8

<400> 302

Glu Gly Asp Ile Ile Ala Val Pro Thr Gly Ile Val Phe

1 5 10

<210> 303

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 8

<400> 303

Leu Ala Gly Thr Ser Ser Val Ile Asn Asn Leu Pro Leu Asp Val

1 5 10 15

<210> 304

<211> 20

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 8

<400> 304

Ala Gly Arg Ala Leu Thr Val Pro Gln Asn Tyr Ala Val Ala Ala Lys

1 5 10 15

Ser Leu Ser Asp

20

<210> 305

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 8

<400> 305

Ala Gly Arg Ala Leu Thr Val Pro Gln Asn Tyr Ala

1 5 10

<210> 306

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 8

<400> 306

Leu Ala Gly Thr Ser Ser Val Ile Asn Asn Leu Pro Leu Asp

1 5 10

<210> 307

<211> 23

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 8

<400> 307

Arg Ala Gly Ile Ala Arg Leu Ala Gly Thr Ser Ser Val Ile Asn Asn

1 5 10 15

Leu Pro Leu Asp Val Val Ala

20

<210> 308

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 9

<400> 308

Arg Ala Ser Ser Asn Leu Asn Leu Leu Gly Phe Gly Ile Asn Ala Glu

1 5 10 15

<210> 309

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 9

<400> 309

Val Thr Val Asn Glu Gly Lys Gly Asp Phe Glu Leu

1 5 10

<210> 310

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 9

<400> 310

Val Arg Ala Ser Ser Asn Leu Asn Leu Leu Gly Phe Gly Ile Asn Ala

1 5 10 15

Glu

<210> 311

<211> 13

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 9

<400> 311

Val Arg Ala Ser Ser Asn Leu Asn Leu Leu Gly Phe Gly

1 5 10

<210> 312

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 9

<400> 312

His Pro Val Ala Val Arg Ala Ser Ser Asn Leu Asn Leu Leu Gly Phe

1 5 10 15

Gly

<210> 313

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 9

<400> 313

Thr Lys Asn Gln Val Gln Ser Tyr Lys Ala Lys Leu Thr Pro Gly Asp

1 5 10 15

<210> 314

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 9

<400>

> 314

His Pro Val Ala Val Arg Ala Ser Ser Asn Leu Asn Leu Leu Gly

1 5 10 15

<210> 315

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 9

<400> 315

Lys Ala Lys Leu Thr Pro Gly Asp Val Phe Val Ile Pro Ala Gly

1 5 10 15

<210> 316

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 9

<400> 316

Asp Leu Thr Phe Pro Gly Ser Ala Gln Glu Val Asp Arg Leu Leu Glu

1 5 10 15

Asn Gln Lys

<210> 317

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 9

<400> 317

Pro Ala Gly His Pro Val Ala Val Arg

1 5

<210> 318

<211> 18

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 9

<400> 318

Ala Lys Leu Thr Pro Gly Asp Val Phe Val Ile Pro Ala Gly His Pro

1 5 10 15

Val Ala

<210> 319

<211> 21

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 9

<400> 319

Ser Tyr Lys Ala Lys Leu Thr Pro Gly Asp Val Phe Val Ile Pro Ala

1 5 10 15

Gly His Pro Val Ala

20

<210> 320

<211> 18

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 9

<400> 320

Leu Thr Pro Gly Asp Val Phe Val Ile Pro Ala Gly His Pro Val Ala

1 5 10 15

Val Arg

<210> 321

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 9

<400> 321

Val Gln Ser Tyr Lys Ala Lys Leu Thr Pro Gly Asp Val Phe Val Ile

1 5 10 15

Pro Ala Gly

<210> 322

<211> 20

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 9

<400> 322

Tyr Lys Ala Lys Leu Thr Pro Gly Asp Val Phe Val Ile Pro Ala Gly

1 5 10 15

His Pro Val Ala

20

<210> 323

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 9

<400> 323

Phe Val Ile Pro Ala Gly His Pro Val Ala Val Arg

1 5 10

<210> 324

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 9

<400> 324

Tyr Lys Ala Lys Leu Thr Pro Gly Asp Val Phe Val Ile Pro Ala Gly

1 5 10 15

<210> 325

<211> 13

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 9

<400> 325

Asp Leu Thr Phe Pro Gly Ser Ala Gln Glu Val Asp Arg

1 5 10

<210> 326

<211> 20

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 9

<400> 326

Ala Lys Leu Thr Pro Gly Asp Val Phe Val Ile Pro Ala Gly His Pro

1 5 10 15

Val Ala Val Arg

20

<210> 327

<211>

> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 9

<400> 327

Leu Thr Pro Gly Asp Val Phe Val Ile Pro Ala Gly

1 5 10

<210> 328

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 9

<400> 328

Ser Tyr Lys Ala Lys Leu Thr Pro Gly Asp Val Phe Val Ile Pro Ala

1 5 10 15

Gly

<210> 329

<211> 23

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 9

<400> 329

Ser Tyr Lys Ala Lys Leu Thr Pro Gly Asp Val Phe Val Ile Pro Ala

1 5 10 15

Gly His Pro Val Ala Val Arg

20

<210> 330

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 9

<400> 330

Val Ile Pro Ala Gly His Pro Val Ala Val Arg

1 5 10

<210> 331

<211> 20

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 9

<400> 331

Gln Val Gln Ser Tyr Lys Ala Lys Leu Thr Pro Gly Asp Val Phe Val

1 5 10 15

Ile Pro Ala Gly

20

<210> 332

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 9

<400> 332

Ala Lys Leu Thr Pro Gly Asp Val Phe Val Ile Pro Ala Gly

1 5 10

<210> 333

<211> 21

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 9

<400> 333

His Pro Val Ala Val Arg Ala Ser Ser Asn Leu Asn Leu Leu Gly Phe

1 5 10 15

Gly Ile Asn Ala Glu

20

<210> 334

<211> 22

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 9

<400> 334

Tyr Lys Ala Lys Leu Thr Pro Gly Asp Val Phe Val Ile Pro Ala Gly

1 5 10 15

His Pro Val Ala Val Arg

20

<210> 335

<211> 23

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 9

<400> 335

Thr Lys Asn Gln Val Gln Ser Tyr Lys Ala Lys Leu Thr Pro Gly Asp

1 5 10 15

Val Phe Val Ile Pro Ala Gly

20

<210> 336

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 9

<400> 336

Pro Phe Asn Leu Lys Ser Ser Asp Pro Ile Tyr Ser

1 5 10

<210> 337

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 9

<400> 337

Ile Glu Lys Ile Leu Leu Glu Glu

1 5

<210> 338

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 9

<400> 338

Ser Arg Ser Glu Pro Phe Asn Leu Lys Ser Ser Asp Pro Ile Tyr Ser

1 5 10 15

<210> 339

<211> 13

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 9

<400> 339

His Pro Val Ala Val Arg Ala Ser Ser Asn Leu Asn Leu

1 5 10

<210> 340

<211> 20

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 10

<400> 340

Thr Leu Phe Leu Pro Gln Tyr Thr Asp Ala Asp Phe Ile Leu Val Val

1 5 10 15

Leu Ser Gly Lys

20

<210> 341

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 11

<400

> 341

Glu Val Glu Glu Arg Ser Gln Asn Ile Phe

1 5 10

<210> 342

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 11

<400> 342

Val Glu Glu Arg Ser Gln Asn Ile Phe Ser Gly Phe

1 5 10

<210> 343

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 11

<400> 343

Ala Ser Leu Gln Glu Gln Glu Gln Gly Gln Val Gln

1 5 10

<210> 344

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 11

<400> 344

Gln Glu Gln Glu Gln Gly Gln Val Gln Ser Arg

1 5 10

<210> 345

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 11

<400> 345

Ala Ser Leu Gln Glu Gln Glu Gln Gly Gln Val Gln Ser Arg

1 5 10

<210> 346

<211> 13

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

><223> FRAGMENT OF SEQ ID 11

<400> 346

Glu Val Glu Glu Arg Ser Gln Asn Ile Phe Ser Gly Phe

1 5 10

<210> 347

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 11

<400> 347

Val Thr Asp Leu Asn Asn Gly Ala Asn Gln Leu Asp Pro Arg Gln Arg

1 5 10 15

Asp

<210> 348

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 11

<400> 348

Val Glu His Gly Leu Ser Leu Leu Gln Pro Tyr Ala Ser Leu

1 5 10

<210> 349

<211> 21

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 11

<400> 349

Ile Tyr Val Thr Asp Leu Asn Asn Gly Ala Asn Gln Leu Asp Pro Arg

1 5 10 15

Gln Arg Asp Phe Leu

20

<210> 350

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 11

<400> 350

Val Thr Asp Leu Asn Asn Gly Ala Asn Gln Leu Asp Pro Arg Gln Arg

1 5 10 15

Asp Phe Leu

<210> 351

<211> 25

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 11

<400> 351

Val Glu His Gly Leu Ser Leu Leu Gln Pro Tyr Ala Ser Leu Gln Glu

1 5 10 15

Gln Glu Gln Gly Gln Val Gln Ser Arg

20

25

<210> 352

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 11

<400> 352

Val Thr Asp Leu Asn Asn Gly Ala Asn Gln Leu Asp Pro Arg

1 5 10

<210> 353

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 11

<400> 353

Ile Tyr Val Thr Asp Leu Asn Asn Gly Ala Asn Gln Leu Asp Pro Arg

1 5 10 15

Gln Arg Asp

<210> 354

<211>

> 20

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 11

<400> 354

Tyr Val Thr Asp Leu Asn Asn Gly Ala Asn Gln Leu Asp Pro Arg Gln

1 5 10 15

Arg Asp Phe Leu

20

<210> 355

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 11

<400> 355

Tyr Val Thr Asp Leu Asn Asn Gly Ala Asn Gln Leu Asp Pro Arg

1 5 10 15

<210

> 356

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 11

<400> 356

Ser Thr Glu Leu Leu Ser Glu Ala Leu Gly Val Ser Ser Gln Val Ala

1 5 10 15

Arg

<210> 357

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 11

<400> 357

His Gly Leu Ser Leu Leu Gln Pro Tyr Ala Ser Leu Gln Glu Gln Glu

1 5 10 15

<210> 358

<211> 20

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 11

<400> 358

Ser Gly Phe Ser Thr Glu Leu Leu Ser Glu Ala Leu Gly Val Ser Ser

1 5 10 15

Gln Val Ala Arg

20

<210> 359

<211> 13

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 12

<400> 359

Gly Ala Phe Thr Pro Leu Gln Tyr Lys Ser Tyr Gln Asp

1 5 10

<210> 360

<211

> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 12

<400> 360

Gly Leu Leu Leu Pro His Tyr Thr Asn Gly Ala Ser Leu Val Tyr

1 5 10 15

<210> 361

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 12

<400> 361

Phe Leu Leu Ala Gly Asn Lys Arg Asn Pro Gln Ala Tyr Arg Arg Glu

1 5 10 15

<210> 362

<211> 12

<212> PRT

<213

> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 12

<400> 362

Ala Leu Pro Thr Asp Val Leu Ala Asn Ala Tyr Arg

1 5 10

<210> 363

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 12

<400> 363

Asp Phe Leu Leu Ala Gly Asn Lys

1 5

<210> 364

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 12

<400> 364

Asp Val Leu Ala Asn Ala Tyr Arg

1 5

<210> 365

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 12

<400> 365

Gly Ala Phe Thr Pro Leu Gln Tyr Lys

1 5

<210> 366

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 12

<400> 366

Gln Gly Asp Val Ile Ala Leu Pro Ala Gly Val Ala His Trp

1 5 10

<210> 367

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 12

<400> 367

Phe Gly Ala Phe Thr Pro Leu Gln Tyr Lys Ser Tyr

1 5 10

<210> 368

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 12

<400> 368

Phe Leu Leu Ala Gly Asn Lys Arg Asn Pro Gln Ala Tyr Arg

1 5 10

<210> 369

<211> 13

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 12

<400> 369

Phe Gly Ala Phe Thr Pro Leu Gln Tyr Lys Ser Tyr Gln

1 5 10

<210> 370

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 12

<400> 370

Gly Leu Ser Leu Leu Gln Pro Tyr Ala Ser Leu Gln Glu Gln Glu

1 5 10 15

<210> 371

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 12

<400> 371

Ala Phe Thr Pro Leu Gln Tyr Lys

1 5

<210> 372

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 12

<400> 372

Phe Gly Ala Phe Thr Pro Leu Gln Tyr Lys Ser Tyr Gln Asp

1 5 10

<210> 373

<211> 13

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 12

<400> 373

Gly Asp Glu Phe Gly Ala Phe Thr Pro Leu Gln Tyr Lys

1 5 10

<210> 374

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 12

<400> 374

Phe Gly Ala Phe Thr Pro Leu Gln Tyr Lys Ser Tyr Gln Asp Val

1 5 10 15

<210> 375

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 12

<400> 375

Phe Gly Ala Phe Thr Pro Leu Gln Tyr Lys

1 5 10

<210> 376

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 12

<400> 376

Phe Gly Ala Phe Thr Pro Leu Gln Tyr Lys Ser

1 5 10

<210> 377

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 12

<400> 377

Val Tyr Ile Ile Gln Gly Arg Gly Ile Thr Gly Pro Thr Phe

1 5 10

<210> 378

<211> 13

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 12

<400> 378

Tyr Ile Ile Gln Gly Arg Gly Ile Thr Gly Pro Thr Phe

1 5 10

<210> 379

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 12

<400> 379

Lys Thr Asn Pro Asn Ser Met Val Ser His Ile Ala Gly Lys

1 5 10

<210> 380

<211> 13

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 12

<400> 380

Thr Asn Pro Asn Ser Met Val Ser His Ile Ala Gly Lys

1 5 10

<210> 381

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 12

<400> 381

Pro Asn Ser Met Val Ser His Ile Ala Gly Lys Ser

1 5 10

<210> 382

<211> 20

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 12

<400> 382

Asn Ile Asp Asn Pro Asn Arg Ala Asp Thr Tyr Asn Pro Arg Ala Gly

1 5 10 15

Arg Val Thr Asn

20

<210> 383

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 12

<400> 383

Gln Arg Asp Phe Leu Leu Ala Gly Asn Lys Arg

1 5 10

<210> 384

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 12

<400> 384

Leu Leu Gln Pro Tyr Ala Ser Leu Gln Glu Gln Glu

1 5 10

<210> 385

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 12

<400> 385

Gln Arg Asp Phe Leu Leu Ala Gly Asn Lys

1 5 10

<210> 386

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 12

<400> 386

Gln Glu Gln Glu Gln Gly Gln Met Gln Ser Arg

1 5 10

<210> 387

<211> 13

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 12

<400> 387

Ser Leu Leu Gln Pro Tyr Ala Ser Leu Gln Glu Gln Glu

1 5 10

<210> 388

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 12

<400> 388

Ala Ser Leu Gln Glu Gln Glu Gln Gly Gln Met

1 5 10

<210> 389

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 12

<400> 389

Ala Ser Leu Gln Glu Gln Glu Gln Gly Gln Met Gln Ser Arg

1 5 10

<210> 390

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 12

<400> 390

Asp Phe Leu Leu Ala Gly Asn Lys Arg

1 5

<210> 391

<211> 18

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 12

<400> 391

Gln Ala Phe Glu Pro Ile Arg Ser Val Arg Ser Gln Ala Gly Thr Thr

1 5 10 15

Glu Phe

<210> 392

<211> 18

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 12

<400> 392

Lys Thr Asn Pro Asn Ser Met Val Ser His Ile Ala Gly Lys Ser Ser

1 5 10 15

Ile Phe

<210> 393

<211> 21

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223>

> FRAGMENT OF SEQ ID 12

<400> 393

Val Arg Arg Val Ile Glu Pro Arg Gly Leu Leu Leu Pro His Tyr Thr

1 5 10 15

Asn Gly Ala Ser Leu

20

<210> 394

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 12

<400> 394

Phe Gly Ala Phe Thr Pro Leu Gln Tyr Lys Ser Tyr Gln Asp Val Tyr

1 5 10 15

Asn

<210> 395

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 12

<400> 395

Ile Ala Leu Pro Ala Gly Val Ala His Trp

1 5 10

<210> 396

<211> 25

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 12

<400> 396

Arg Val Arg Gln Asn Ile Asp Asn Pro Asn Arg Ala Asp Thr Tyr Asn

1 5 10 15

Pro Arg Ala Gly Arg Val Thr Asn Leu

20 25

<210> 397

<211> 21

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 12

<400> 397

Asn Ile Asp Asn Pro Asn Arg Ala Asp Thr Tyr Asn Pro Arg Ala Gly

1 5 10 15

Arg Val Thr Asn Leu

20

<210> 398

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 12

<400> 398

Gly Ala Phe Thr Pro Leu Gln Tyr Lys Ser Tyr Gln Asp Val Tyr Asn

1 5 10 15

<210> 399

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 12

<400> 399

Pro Asn Ser Met Val Ser His Ile Ala Gly Lys Ser Ser Ile Phe Arg

1 5 10 15

<210> 400

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 12

<400> 400

Arg Leu Gln Ala Phe Glu Pro Ile Arg Ser Val Arg Ser Gln Ala Gly

1 5 10 15

Thr Thr Glu

<210> 401

<211> 18

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 12

<400> 401

Thr Asn Pro Asn Ser Met Val Ser His Ile Ala Gly Lys Ser Ser Ile

1 5 10 15

Phe Arg

<210> 402

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 13

<400> 402

Glu Leu Gly Ala Pro Asp Val Gly His Pro Met

1 5 10

<210> 403

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 13

<400> 403

Leu Gly Ala Pro Asp Val Gly His Pro Met

1 5 10

<210> 404

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 13

<400> 404

Glu Leu Gly Ala Pro Asp Val Gly His Pro Met Ser Glu Val Phe

1 5 10 15

<210> 405

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 13

<400> 405

Glu Leu Gly Ala Pro Asp Val Gly His Pro Met Ser

1 5 10

<210> 406

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 13

<400> 406

Glu Leu Gly Ala Pro Asp Val Gly His Pro Met Ser Glu Val Phe Arg

1 5 10 15

<210> 407

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 13

<400> 407

Glu Leu Gly Ala Pro Asp Val Gly His Pro Met Ser Glu Val

1 5 10

<210> 408

<211> 13

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 13

<400> 408

Glu Leu Gly Ala Pro Asp Val Gly His Pro Met Ser Glu

1 5 10

<210> 409

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 13

<400> 409

Leu Gly Ala Pro Asp Val Gly His Pro Met Ser Glu

1 5 10

<210> 410

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 13

<400> 410

Tyr Arg Glu Leu Gly Ala Pro Asp Val Gly His Pro Met Ser Glu

1 5 10 15

<210> 411

<211> 13

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 13

<400> 411

Leu Gly Ala Pro Asp Val Gly His Pro Met Ser Glu Val

1 5 10

<210> 412

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 13

<400> 412

Arg Glu Leu Gly Ala Pro Asp Val Gly His Pro Met Ser Glu

1 5 10

<210> 413

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 14

<400> 413

Ala Pro Thr Gly Thr Phe Ile Ala Ser Gly Val Val Val Gly Lys Asp

1 5 10 15

<210> 414

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 14

<400> 414

Leu Ala Ile Val Lys Phe Ser Pro Asn Glu Gln Asn Lys His Ile Gly

1 5 10 15

Glu

<210> 415

<211> 21

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 14

<400> 415

Arg His Gln Ile Thr Asp Thr Thr Asn Gly His Tyr Ala Pro Val Thr

1 5 10 15

Tyr Ile Gln Val Glu

20

<210> 416

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 14

<400> 416

Gly Asp Leu Ala Ile Val Lys Phe Ser Pro Asn Glu Gln Asn Lys His

1 5 10 15

Ile Gly Glu

<210> 417

<211> 18

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FRAGMENT OF SEQ ID 14

<400> 417

Asn Pro Asp Asn Pro Asp Asn Pro Asn Asn Pro Asp Asn Pro Asn Asn

1 5 10 15

Pro Asp

<210> 418

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 418

Gln Ser Phe Ile Leu Ser Gly Asn Glu

1 5

<210> 419

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 419

Glu Ser Phe Leu Leu Ser Gly Asn Gln

1 5

<210> 420

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 420

Gln Ser Tyr Leu Leu Ser Gly Asn Gln

1 5

<210> 421

<211>

> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 421

Gln Ser Phe Leu Leu Ser Gly Asp Gln

1 5

<210> 422

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 422

Gln Ser Tyr Leu Leu Ser Gly Asn Glu

1 5

<210> 423

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 423

Glu Ser Phe Leu Leu Ser Gly Asn Glu

1 5

<210> 424

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 424

Glu Ser Tyr Leu Leu Ser Gly Asn Gln

1 5

<210> 425

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 425

Gln Ser Phe Leu Leu Ser Gly Asp Glu

1 5

<210> 426

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 426

Gln Ser Tyr Leu Leu Ser Gly Asp Gln

1 5

<210> 427

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 427

Gln Ser Phe Arg Leu Ser Gly Asn Gln

1 5

<210> 428

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 428

Gln Ser Phe Leu Leu Ser Tyr Asn Gln

1 5

<210> 429

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 429

Gln Phe Phe Leu Leu Ser Gly Asn Gln

1 5

<210> 430

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 430

Gln Ser Phe Leu Leu Ser Gly Ala Gln

1 5

<210> 431

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 431

Gln Ser Phe Leu Leu Ser Gly Asn Pro

1 5

<210> 432

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 432

Gln Ser Phe Arg Arg Ser Gly Asn Gln

1 5

<210> 433

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 433

Gln Ser Phe Leu Leu Ser Tyr Ile Gln

1 5

<210> 434

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 434

Gln Phe Phe Leu Leu Ser Gly Asn Leu

1 5

<210> 435

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 435

Gln Ser Phe Leu Leu Ser Gly Ala Gln Ala

1 5 10

<210> 436

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 436

Gln Ser Phe Leu Leu Ser Gly Asn Pro

1 5

<210> 437

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 437

Gln Ser Phe Leu Leu Ser Gly Asn Gln Gln

1 5 10

<210> 438

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 438

Gln Ser Phe Leu Leu Leu Ser Gly Asn Gln

1 5 10

<210> 439

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 439

Ala Gln Ser Phe Gly Leu Leu Ser Gly Asn Gln

1 5 10

<210> 440

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 440

Arg Gln Ser Phe Leu Leu Ile Ser Gly Asn Gln

1 5 10

<210> 441

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 441

Gln Ser Phe Leu Leu Ser Gly Asn Gln Lys

1 5 10

<210> 442

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 442

Gln Phe Leu Leu Ser Gly Asn Gln

1 5

<210> 443

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 443

Ser Phe Leu Leu Ser Gly Asn Gln

1 5

<210> 444

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 444

Gln Ser Phe Leu Leu Ser Gly Asn

1 5

<210> 445

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 445

Gln Ser Phe Leu Leu Ser Gly Asn Gln

1 5

<210> 446

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 446

Gln Ser Phe Leu Ser Gly Asn Gln

1 5

<210> 447

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 447

Gln Ser Leu Leu Ser Gly Asn Gln

1 5

<210> 448

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 448

Ser Phe Leu Leu Ser Gly Asn Gln

1 5

<210> 449

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 449

Gln Ser Phe Leu Leu Ser Gly Asn

1 5

<210> 450

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 450

Ser Phe Leu Leu Ser Gly Asn

1 5

<210> 451

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 451

Gln Ser Phe Ser Gly Asn Gln

1 5

<210> 452

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 452

His Pro Arg Pro Pro Lys Pro Asp Ala Pro Arg

1 5 10

<210> 453

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 453

Leu Gln Gln Ala Pro Pro Pro Pro Gln Arg

1 5 10

<210> 454

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 454

Val Gly Trp Gly Glu Gln Pro Trp Ser Pro Tyr

1 5 10

<210> 455

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 455

Phe His Met Pro Pro

1 5

<210> 456

<211> 4

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIE

<400> 456

Phe Arg Arg Pro

1

<210> 457

<211> 4

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 457

Phe Trp Met Ala

1

<210> 458

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 458

His Met Pro Pro Ser

1 5

<210> 459

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 459

Pro Val Glu Met Pro Thr Leu Leu Tyr Pro Ser

1 5 10

<210> 460

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> PEPTIDE

<400> 460

His Met Pro Ser Ser

1 5

<210> 461

<211> 4

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 461

His Arg Phe Arg

1

<210> 462

<211> 4

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 462

His Arg Arg Ser

1

<210> 463

<211> 4

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 463

His Ser Pro Arg

1

<210> 464

<211> 4

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 464

His Trp Phe Ala

1

<210> 465

<211> 4

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 465

Met Phe Arg Arg

1

<210> 466

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 466

Met Phe Arg Arg Pro

1 5

<210> 467

<211> 4

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 467

Met Pro Pro Ser

1

<210> 468

<211> 4

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 468

Met Pro Arg Arg

1

<210> 469

<211> 4

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 469

Asn Met Pro Ser

1

<210> 470

<211> 4

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 470

Pro His Met Pro

1

<210> 471

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 471

Pro His Met Pro Ser

1 5

<210> 472

<211> 4

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 472

Pro Arg Arg Phe

1

<210> 473

<211> 4

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 473

Trp Met Lys Ala

1

<210> 474

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 474

Asp Ser Ile Asn Ala Leu Glu Pro Asp His Arg

1

5

10

<210> 475

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 475

Glu Leu Thr Phe Pro Gly Ser Val Gln

1

5

<210> 476

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 476

Glu Leu Thr Phe Pro Gly Ser Val Gln Glu

1

5

10

<210> 477

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 477

Ile Phe Glu Asp Ala Ile Thr Ile Pro Gly Arg

1 5 10

<210> 478

<211> 13

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 478

Leu Asp Ala Leu Glu Pro Asp Asn Arg Ile Glu Ser Glu

1 5 10

<210> 479

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 479

Lys Thr Leu Asp Tyr Trp Pro Ser Leu Arg

1 5 10

<210> 480

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

><223> PEPTIDE

<400> 480

Arg His Gly Glu Trp Gly Pro Ser Tyr

1 5

<210> 481

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 481

Ile Leu Val Asp Gly Ser His Asp Ile Glu Arg

1 5 10

<210> 482

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 482

Ile Leu Val Asp Gly Ser His Asp Ile Glu Arg

1 5 10

<210> 483

<211>

> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 483

Asn Leu Ala Gln Ala Pro Ala Gln Ala Leu Leu

1 5 10

<210> 484

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 484

Phe Leu Pro Gln His Thr Asp

1 5

<210> 485

<211> 6

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 485

Leu Glu Pro Asp Asn Arg

1 5

<210> 486

<211> 6

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 486

Leu Gln Ser Gln Asn Asp

1 5

<210> 487

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 487

Leu Gln Ser Gln Asn Asp Gln Arg Gly Glu Ile

1 5 10

<210> 488

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 488

Gln Ser Gln Asn Asp Gln Arg Gly Glu Ile Ile His Val Lys

1 5 10

<210> 489

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 489

Arg Gly Glu Ile Ile His Val Lys

1 5

<210> 490

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 490

Arg Leu Gln Ser Gln Asn Asp Gln

1 5

<210> 491

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 491

Arg Leu Gln Ser Gln Asn Asp Gln Arg Gly

1 5 10

<210> 492

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 492

Arg Leu Gln Ser Gln Asn Asp Gln Arg Gly Glu Ile Ile His

1 5 10

<210> 493

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 493

Val Phe Asp Gly Val Leu Arg Pro Gly

1 5

<210> 494

<211> 4

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 494

His Asn Pro Arg

1

<210> 495

<211> 4

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 495

His Pro Met Ser

1

<210> 496

<211> 4

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 496

His Pro Ser Phe

1

<210> 497

<211> 4

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 497

Met Pro Met Pro

1

<210> 498

<211> 4

<212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> PEPTIDE

<400> 498
 Pro Met Pro Leu
 1

<210> 499
 <211> 4
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> PEPTIDE

<400> 499
 Pro Asn Ser Met
 1

<210> 500
 <211> 4
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> PEPTIDE

<400> 500
 Trp Asp Pro Ala
 1

<210> 501
 <211> 6
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> PEPTIDE

<400> 501
 Leu Arg Gly Phe Ser Lys
 1 5

<210> 502
 <211> 6
 <212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 502

Arg Ser Gln Asn Ile Phe

1 5

<210> 503

<211> 6

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 503

Tyr Leu Arg Gly Phe Ser

1 5

<210> 504

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 504

Gly Ala Leu Met Leu Pro His Tyr Asn

1 5

<210> 505

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 505

Gly Ala Leu Met Leu Pro His Tyr Asn Ser Arg

1 5 10

<210> 506

<211> 463

<212> PRT

<213> Vicia faba

<400> 506

Met Ala Ala Thr Thr Leu Lys Asp Ser Phe Pro Leu Leu Thr Leu Leu
1 5 10 15
Gly Ile Ala Phe Leu Ala Ser Val Cys Leu Ser Ser Arg Ser Asp Gln
20 25 30
Asp Asn Pro Phe Val Phe Glu Ser Asn Arg Phe Gln Thr Leu Phe Glu
35 40 45
Asn Glu Asn Gly His Ile Arg Leu Leu Gln Lys Phe Asp Gln His Ser
50 55 60
Lys Leu Leu Glu Asn Leu Gln Asn Tyr Arg Leu Leu Glu Tyr Lys Ser
65 70 75 80
Lys Pro His Thr Ile Phe Leu Pro Gln Gln Thr Asp Ala Asp Phe Ile
85 90 95
Leu Val Val Leu Ser Gly Lys Ala Ile Leu Thr Val Leu Leu Pro Asn
100 105 110
Asp Arg Asn Ser Phe Ser Leu Glu Arg Gly Asp Thr Ile Lys Leu Pro
115 120 125
Ala Gly Thr Ile Gly Tyr Leu Val Asn Arg Asp Asp Glu Glu Asp Leu
130 135 140
Arg Val Leu Asp Leu Val Ile Pro Val Asn Arg Pro Gly Glu Pro Gln
145 150 155 160
Ser Phe Leu Leu Ser Gly Asn Gln Asn Gln Pro Ser Ile Leu Ser Gly
165 170 175
Phe Ser Lys Asn Ile Leu Glu Ala Ser Phe Asn Thr Asp Tyr Lys Glu
180 185 190
Ile Glu Lys Val Leu Leu Glu Glu His Gly Lys Glu Lys Tyr His Arg
195 200 205
Arg Gly Leu Lys Asp Arg Arg Gln Arg Gly Gln Glu Glu Asn Val Ile
210 215 220
Val Lys Ile Ser Arg Lys Gln Ile Glu Glu Leu Asn Lys Asn Ala Lys
225 230 235 240
Ser Ser Ser Lys Lys Ser Thr Ser Ser Glu Ser Glu Pro Phe Asn Leu

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

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

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

 420 425 430
 Lys Gln Ser His Phe Ala Asn Ala Gln Pro Arg Glu Arg Glu Arg Gly
 435 440 445
 Ser Gln Glu Ile Lys Asp His Leu Tyr Ser Ile Leu Gly Ser Phe
 450 455 460
 <210> 507
 <211> 446
 <212> PRT
 <213> Cicer arietinum
 <400> 507

Met Ala Ile Lys Ala Arg Phe Pro Leu Leu Val Leu Leu Gly Ile Val
1 5 10 15

Phe Leu Ala Ser Val Cys Ala Lys Ser Asp Lys Glu Asn Pro Phe Phe
20 25 30

Phe Lys Ser Asn Asn Cys Gln Thr Leu Phe Glu Asn Glu Asn Gly His
35 40 45

Val Arg Leu Leu Gln Arg Phe Asp Lys Arg Ser Gln Leu Phe Glu Asn
50 55 60

Leu Gln Asn Tyr Arg Leu Met Glu Tyr Asn Ser Lys Pro His Thr Leu
65 70 75 80

Phe Leu Pro Gln His Asn Asp Ala Asp Phe Ile Leu Val Val Leu Arg
85 90 95

Gly Arg Ala Ile Leu Thr Val Leu Asn Pro Asn Asp Arg Asn Thr Phe
100 105 110

Lys Leu Glu Arg Gly Asp Thr Ile Lys Leu Pro Ala Gly Thr Ile Ala
115 120 125

Tyr Leu Ala Asn Arg Asp Asp Asn Glu Asp Leu Arg Val Leu Asp Leu
130 135 140

Ala Ile Pro Val Asn Arg Pro Gly Gln Phe Gln Ser Phe Ser Leu Ser
145 150 155 160

Gly Asn Glu Asn Gln Gln Ser Tyr Phe Gln Gly Phe Ser Lys Lys Ile
165 170 175

Leu Glu Ala Ser Phe Asn Ser Asp Tyr Glu Glu Ile Glu Arg Val Leu
180 185 190

Leu Glu Glu Gln Glu Gln Lys Pro Glu Gln Arg Arg Gly His Lys Gly
195 200 205

Arg Gln Gln Ser Gln Glu Thr Asp Val Ile Val Lys Ile Ser Arg Glu
210 215 220

Gln Ile Glu Glu Leu Ser Lys Asn Ala Lys Ser Asn Cys Lys Lys Ser
225 230 235 240

Val Ser Ser Glu Ser Glu Pro Phe Asn Leu Arg Ser Arg Ser Pro Ile

245 250 255
Tyr Ser Asn Arg Phe Gly Asn Phe Phe Glu Ile Thr Pro Glu Lys Asn
260 265 270

Pro Gln Leu Lys Asp Leu Asp Ile Phe Val Asn Ser Val Glu Ile Lys
275 280 285

Glu Gly Ser Leu Leu Leu Pro His Phe Asn Ser Arg Ala Thr Val Ile
290 295 300

Leu Val Val Asn Glu Gly Lys Gly Glu Val Glu Leu Val Gly Leu Arg
305 310 315 320

Asn Glu Asn Glu Gln Glu Asn Lys Lys Glu Asp Glu Glu Glu Glu Glu
325 330 335

Asp Arg Asn Val Gln Val Gln Arg Phe Gln Ser Lys Leu Ser Ser Gly
340 345 350

Asp Val Val Val Ile Pro Ala Ser His Pro Phe Ser Ile Asn Ala Ser
355 360 365

Ser Asp Leu Phe Leu Leu Gly Phe Gly Ile Asn Ala Gln Asn Asn Gln
370 375 380

Arg Asn Phe Leu Ala Gly Glu Glu Asp Asn Val Ile Ser Gln Ile Gln
385 390 395 400

Arg Pro Val Lys Glu Val Ala Phe Pro Gly Ser Ala Glu Glu Val Asp
405 410 415

Arg Leu Leu Lys Asn Gln Arg Gln Ser His Phe Ala Asn Ala Gln Pro
420 425 430

Gln Gln Lys Arg Lys Gly Ser Gln Arg Ile Arg Ser Pro Phe
435 440 445

<210> 508

<211> 418

<212> PRT

<213> Lens culinaris

<400> 508

Ser Arg Ser Asp Gln Glu Asn Pro Phe Ile Phe Lys Ser Asn Arg Phe

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

 65 70 75 80
 Val Leu Asn Ser Asn Asp Arg Asn Ser Phe Asn Leu Glu Arg Gly Asp
 85 90 95
 Thr Ile Lys Leu Pro Ala Gly Thr Ile Ala Tyr Leu Ala Asn Arg Asp
 100 105 110
 Asp Asn Glu Asp Leu Arg Val Leu Asp Leu Ala Ile Pro Val Asn Arg
 115 120 125
 Pro Gly Gln Leu Gln Ser Phe Leu Leu Ser Gly Thr Gln Asn Gln Pro

 130 135 140
 Ser Phe Leu Ser Gly Phe Ser Lys Asn Ile Leu Glu Ala Ala Phe Asn
 145 150 155 160
 Thr Glu Tyr Glu Glu Ile Glu Lys Val Leu Leu Glu Glu Gln Glu Gln
 165 170 175
 Lys Ser Gln His Arg Arg Ser Leu Arg Asp Lys Arg Gln Glu Ile Thr
 180 185 190
 Asn Glu Asp Val Ile Val Lys Val Ser Arg Glu Gln Ile Glu Glu Leu

 195 200 205
 Ser Lys Asn Ala Lys Ser Ser Ser Lys Lys Ser Val Ser Ser Glu Ser
 210 215 220
 Glu Pro Phe Asn Leu Arg Ser Arg Asn Pro Ile Tyr Ser Asn Lys Phe
 225 230 235 240
 Gly Lys Phe Phe Glu Ile Thr Pro Glu Lys Asn Pro Gln Leu Gln Asp
 245 250 255

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

260 265 270
Leu Pro Asn Tyr Asn Ser Arg Ala Ile Val Ile Val Thr Val Asn Glu

275 280 285
Gly Lys Gly Asp Phe Glu Leu Val Gly Gln Arg Asn Glu Asn Gln Gln

290 295 300
Glu Gln Arg Glu Glu Asn Asp Glu Glu Glu Gly Gln Glu Glu Glu Thr

305 310 315 320
Thr Lys Gln Val Gln Arg Tyr Arg Ala Arg Leu Ser Pro Gly Asp Val

325 330 335
Leu Val Ile Pro Ala Gly His Pro Val Ala Ile Asn Ala Ser Ser Asp

340 345 350
Leu Asn Leu Ile Gly Phe Gly Ile Asn Ala Lys Asn Asn Gln Arg Asn

355 360 365
Phe Leu Ala Gly Glu Glu Asp Asn Val Ile Ser Gln Ile Gln Arg Pro

370 375 380
Val Lys Glu Leu Ala Phe Pro Gly Ser Ser Arg Glu Val Asp Arg Leu

385 390 395 400
Leu Thr Asn Gln Lys Gln Ser His Phe Ala Asn Ala Gln Pro Leu Gln

405 410 415
Ile Glu

<210> 509

<211> 526

<212> PRT

<213> Pisum elatius

<400> 509

Met Ala Thr Thr Val Glu Ser Arg Phe Pro Leu Leu Leu Phe Pro Gly
1 5 10 15

Ile Ile Phe Leu Ala Ser Val Cys Val Thr Tyr Ala Asn Tyr Asp Glu
20 25 30

Gly Ser Glu Thr Arg Val Pro Gly Gln Arg Glu Arg Gly Arg Gln Glu
 35 40 45
 Gly Glu Lys Glu Glu Lys Arg His Gly Glu Trp Arg Pro Ser Tyr Glu
 50 55 60
 Lys Glu Glu Asp Glu Glu Glu Lys Gln Lys Tyr Arg Tyr Gln Arg Glu
 65 70 75 80
 Lys Glu Asp Glu Glu Glu Lys Gln Lys Tyr Arg Tyr Gln Arg Glu Lys
 85 90 95

 Lys Glu Glu Lys Glu Val Gln Pro Gly Arg Glu Arg Trp Glu Arg Glu
 100 105 110
 Glu Asp Glu Glu Gln Val Asp Glu Glu Trp Arg Gly Ser Gln Arg Arg
 115 120 125
 Gln Asp Pro Glu Glu Arg Ala Arg Leu Arg His Arg Glu Glu Arg Thr
 130 135 140
 Lys Arg Asp Arg Arg His Lys Arg Glu Gly Glu Glu Glu Glu Arg Ser
 145 150 155 160

 Ser Glu Ser Gln Glu Gln Arg Asn Pro Phe Leu Phe Lys Ser Asn Lys
 165 170 175
 Phe Leu Thr Leu Phe Glu Asn Glu Asn Gly His Ile Arg Arg Leu Gln
 180 185 190
 Arg Phe Asp Lys Arg Ser Asp Leu Phe Glu Asn Leu Gln Asn Tyr Arg
 195 200 205
 Leu Val Glu Tyr Arg Ala Lys Pro His Thr Ile Phe Leu Pro Gln His
 210 215 220

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

275 280 285
 Arg Pro Gly Lys Phe Glu Ala Phe Gly Leu Ser Glu Asn Lys Asn Gln
 290 295 300
 Tyr Leu Arg Gly Phe Ser Lys Asn Ile Leu Glu Ala Ser Leu Asn Thr
 305 310 315 320
 Lys Tyr Glu Thr Ile Glu Lys Val Leu Leu Glu Glu Gln Glu Lys Lys
 325 330 335
 Pro Gln Gln Leu Arg Asp Arg Lys Arg Arg Gln Gln Gly Gly Glu Arg
 340 345 350

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

 Asp Ile Leu Val Ser Cys Val Glu Ile Asn Lys Gly Ala Leu Met Leu
 420 425 430
 Pro His Tyr Asn Ser Arg Ala Ile Val Val Leu Leu Val Asn Glu Gly
 435 440 445
 Lys Gly Asn Leu Glu Leu Leu Gly Leu Lys Asn Glu Gln Gln Glu Arg
 450 455 460
 Glu Asp Arg Lys Glu Arg Asn Asn Glu Val Gln Arg Tyr Glu Ala Arg
 465 470 475 480

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

<210> 510

<211> 541

<212> PRT

<213> Lathyrus aphaca

<400> 510

Met Ala Thr Thr Ile Lys Ser Arg Phe Pro Leu Leu Leu Leu Gly

1 5 10 15
Ile Ile Phe Leu Ala Ser Val Cys Val Thr Trp Ala Asn Tyr Asp Glu

20 25 30
Gly Ser Glu Pro Arg Val Pro Gly Gln Arg Glu Arg Gly Arg Gln Glu
35 40 45

Gly Glu Lys Glu Glu Lys Arg His Gly Glu Trp Arg Pro Ser Tyr Glu
50 55 60

Glu Glu Tyr Asp Glu Gly Leu Glu Pro Lys Val Pro Gly Lys Arg Glu

65 70 75 80
Arg Gly Arg Gln Glu Gly Glu Lys Glu Glu Lys Arg His Glu Glu Trp

85 90 95
Arg Pro Ser Tyr Glu Lys Glu Glu Asp Glu Glu Glu Lys Gln Lys Tyr

100 105 110
Asn Tyr Gln Arg Glu Lys Lys Glu His Lys Glu Val Gln Pro Gly Arg

115 120 125
Glu Arg Trp Glu Arg Lys Gln Asp Glu Lys Gln Val Glu Glu Asp Glu

130 135 140
Glu Pro Gly Glu Glu Gln Trp Arg Gly Ser Lys Arg His Glu Asp Pro

145 150 155 160
Glu Glu Arg Ala Arg Leu Arg His Arg Glu Glu Lys Thr Lys Ser Tyr

165 170 175
Val Glu Asp Asn Glu Glu Thr Ser Ser Lys Glu Gly Arg Asn Pro Phe

180 185 190
Leu Phe Lys Ser Asn Lys Phe Leu Thr Leu Phe Glu Asn Glu Asn Gly

195 200 205

His Ile Arg Arg Leu Gln Arg Phe Asp Glu Arg Ser Asp Ile Phe Glu
 210 215 220
 Asn Leu Gln Asn Tyr Arg Leu Val Glu Tyr Arg Ala Lys Pro His Thr
 225 230 235 240
 Met Phe Leu Pro Gln His Ile Asp Ala Asp Leu Ile Leu Val Val Leu
 245 250 255
 Asn Gly Lys Ala Ile Leu Thr Val Leu Ser Pro Asn Asp Arg Asn Ser
 260 265 270
 Tyr Asn Leu Glu Arg Gly Asp Thr Val Lys Leu Pro Ala Gly Thr Thr
 275 280 285
 Ser Tyr Leu Val Asn Gln Asp Asp Glu Glu Asp Leu Arg Val Val Asp
 290 295 300
 Leu Ala Ile Pro Val Asn Arg Pro Gly Lys Phe Glu Ala Phe Gly Leu
 305 310 315 320
 Ser Ala Asn Lys Asn Gln Tyr Leu Arg Gly Phe Ser Lys Asn Ile Leu
 325 330 335
 Glu Ala Ser Leu Asn Thr Lys Tyr Glu Thr Ile Glu Lys Val Leu Leu
 340 345 350
 Glu Glu Arg Arg Asp Gln Lys Gly Arg Gln Gln Gly Gln Glu Thr Asn
 355 360 365
 Ala Ile Val Lys Val Ser Arg Glu Gln Ile Glu Glu Leu Arg Lys Leu
 370 375 380
 Ala Lys Ser Ser Ser Lys Lys Ser Leu Leu Ser Glu Ser Glu Pro Leu
 385 390 395 400
 Asn Leu Arg Ser Gln Asn Pro Lys Tyr Ser Asn Lys Phe Gly Lys Phe
 405 410 415
 Phe Glu Ile Thr Pro Gln Lys Lys Tyr Pro Gln Leu Gln Asp Leu Asp
 420 425 430
 Val Ser Ile Ser Cys Val Glu Ile Asn Lys Gly Ala Leu Leu Leu Pro
 435 440 445
 His Tyr Asn Ser Arg Ser Ile Gly Ile Leu Leu Val Asn Glu Gly Lys

450 455 460
 Gly Asn Leu Glu Leu Val Gly Phe Lys Asn Glu Gln Gln Arg Gln Arg
 465 470 475 480
 Glu Asn Glu Glu Thr Asn Lys Lys Leu Gln Arg Tyr Glu Ala Arg Leu
 485 490 495
 Ser Ser Gly Asp Val Val Val Ile Pro Glu Gly His Pro Val Ala Ile
 500 505 510
 Ser Ala Ser Ser Asn Leu Asn Leu Leu Gly Phe Gly Ile Asn Ala Ala

515 520 525
 Asn Asn Gln Arg Asn Phe Leu Thr Gly Ser Asp Asp Asn
 530 535 540

<210> 511
 <211> 589
 <212> PRT
 <213> *Vicia villosa*
 <400> 511

Met Ala Thr Thr Ile Lys Ser Arg Phe Pro Val Leu Leu Leu Leu Gly
 1 5 10 15
 Ile Ile Phe Leu Thr Ser Val Cys Val Thr Tyr Ala Asn Tyr Asp Glu
 20 25 30

Gly Arg Glu Pro Ser Val Pro Gly Gln Arg Glu Arg Gly Arg Gln Glu
 35 40 45
 Gly Glu Lys Glu Glu Lys Arg His Gly Glu Trp Arg Pro Ser Glu Glu
 50 55 60
 Asp Glu Glu Glu Lys Tyr Lys Tyr Glu Glu Gly Arg Val Pro Gly Gln
 65 70 75 80
 Arg Glu Arg Gly Arg Gln Glu Gly Glu Lys Glu Glu Lys Arg His Gly
 85 90 95

Lys Trp Arg Pro Ser Glu Glu Glu Asp Glu Glu Glu Lys Tyr Arg Tyr
 100 105 110
 Glu Glu Gly Ser Glu Pro Arg Gly Pro Gly Gln Arg Glu Thr Gly Arg
 115 120 125

Gln Glu Gly Glu Lys Glu Lys Gln Arg Pro Glu Arg Glu Pro Ser Tyr
130 135 140

Glu Lys Glu Glu Asp Glu Glu Glu Lys Gln Lys Tyr Gln Tyr His Arg
145 150 155 160

Glu Lys Lys Glu Gln Arg Glu Val Arg Pro Gly Arg Glu Arg Phe Glu
165 170 175

Arg His Glu Asp Glu Glu Gln Trp Arg Gly Ile Gln Arg His Glu Asp
180 185 190

Pro Glu Glu Arg Ala Arg Glu Arg Tyr Arg Ala Glu Ile Ala Lys Arg
195 200 205

Gln Val Glu Glu Glu Arg Glu Glu Arg Asp Ile Pro His Glu Arg Glu
210 215 220

Gln Arg Asn Pro Phe Leu Phe Lys Ser Asn Lys Phe Gln Thr Leu Phe
225 230 235 240

Gln Asn Glu Asn Gly Tyr Ile Arg Arg Leu Gln Arg Phe Asp Lys Arg
245 250 255

Ser Asp Leu Phe Glu Asn Leu Gln Asn Tyr Arg Leu Val Glu Tyr Arg
260 265 270

Ala Lys Pro His Thr Ile Phe Leu Pro Gln His Ile Asp Ala Asp Leu
275 280 285

Ile Ile Val Val Leu Ser Gly Arg Ala Ile Leu Thr Val Leu Ser Pro
290 295 300

Asp Asp Arg Asn Ser Tyr Asn Leu Glu Arg Gly Asp Thr Ile Lys Leu
305 310 315 320

Pro Ala Gly Thr Thr Ser Tyr Leu Val Asn Gln Asp Asp Glu Glu Asp
325 330 335

Leu Arg Val Val Asp Leu Ala Ile Pro Val Asn Arg Pro Gly Lys Val
340 345 350

Glu Ser Phe Leu Leu Ser Gly Asn Lys Asn Gln Tyr Leu Arg Gly Phe
355 360 365

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

370 375 380
 Glu Arg Val Leu Leu Glu Glu Gln Asp Lys Glu Ser Gln Gln Ser Ile
 385 390 395 400
 Gly Gln Lys Arg Arg Ser Gln Arg Gln Glu Thr Asn Ala Leu Val Lys
 405 410 415

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

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

 Ser Pro Gly Asp Val Val Ile Ile Pro Ala Gly His Pro Val Ala Val
 545 550 555 560
 Arg Ala Ser Ser Asp Leu Asn Leu Leu Ala Phe Gly Ile Asn Ala Glu
 565 570 575
 Asn Asn Gln Arg Asn Phe Leu Ala Gly Ser Asp Asp Asn
 580 585

 <210> 512
 <211> 861
 <212> PRT
 <213> Medicago truncatula
 <400> 512

Met Phe Ser Gly Val Thr Gly Ile Leu Asn Arg Gly His Lys Ile Lys

1 5 10 15

Gly Thr Val Val Leu Met Arg Lys Asn Val Leu Asp Ile Asn Ser Leu

20 25 30

Thr Ser Val Gly Gly Val Ile Gly Gln Gly Phe Asp Ile Leu Gly Ser

35 40 45

Thr Leu Asp Asn Leu Thr Ala Phe Leu Gly Arg Ser Val Ser Leu Gln

50 55 60

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

65 70 75 80

Lys Ala Thr Phe Leu Glu Gly Ile Ile Thr Ser Leu Pro Thr Leu Gly

85 90 95

Ala Gly Gln Ser Ala Phe Lys Ile His Phe Glu Trp Asp Asp Asp Met

100 105 110

Gly Ile Pro Gly Ala Phe Tyr Ile Lys Asn Phe Met Gln Thr Glu Phe

115 120 125

Phe Leu Val Ser Leu Thr Leu Glu Asp Ile Pro Asn His Gly Ser Ile

130 135 140

Tyr Phe Val Cys Asn Ser Trp Ile Tyr Asn Ala Lys His His Lys Leu

145 150 155 160

Asp Arg Ile Phe Phe Ala Asn Lys Ala Tyr Leu Pro Ser Glu Thr Pro

165 170 175

Ala Pro Leu Val His Tyr Arg Glu Glu Glu Leu Asn Asn Leu Arg Gly

180 185 190

Asp Gly Thr Gly Glu Arg Lys Glu Trp Glu Arg Ile Tyr Asp Tyr Asp

195 200 205

Val Tyr Asn Asp Leu Gly Asn Pro Glu Lys Gly Asp Asn His Ala Arg

210 215 220

Pro Val Leu Gly Gly Ser Asp Thr Tyr Pro Tyr Pro Arg Arg Gly Arg

225 230 235 240

Thr Gly Arg Lys Pro Asn Pro Lys Asp Pro Lys Ser Glu Ser Arg Ser

245 250 255
Asp Phe Val Tyr Leu Pro Arg Asp Glu Ala Phe Gly His Leu Lys Ser

260 265 270
Ser Asp Phe Leu Thr Tyr Gly Leu Lys Ala Val Ser Gln Asn Val Val

275 280 285
Pro Ala Leu Glu Ser Val Ile Phe Asp Leu Asn Phe Thr Pro Asn Glu

290 295 300
Phe Asp Ser Phe Asp Glu Val His Gly Leu Tyr Glu Gly Gly Ile Lys

305 310 315 320
Leu Pro Thr Asp Val Leu Ser Lys Ile Ser Pro Leu Pro Val Leu Lys

325 330 335
Glu Ile Phe Arg Thr Asp Gly Glu Gln Phe Leu Lys Tyr Pro Pro Pro

340 345 350
Lys Val Leu Gln Val Ser Arg Ser Ala Trp Met Thr Asp Glu Glu Phe

355 360 365
Ala Arg Glu Met Leu Ala Gly Val Asn Pro Asn Val Ile Cys Cys Leu

370 375 380
Gln Glu Phe Pro Pro Arg Ser Lys Leu Asp Ser Gln Val Tyr Gly Asp

385 390 395 400
His Thr Ser Lys Ile Thr Lys Glu His Leu Glu Pro Asn Leu Glu Gly

405 410 415
Leu Thr Val Glu Glu Ala Ile Gln Asn Lys Lys Leu Phe Leu Leu Asp

420 425 430
His His Asp Ser Ile Met Pro Tyr Leu Arg Arg Ile Asn Ser Thr Pro

435 440 445
Thr Lys Ala Tyr Ala Thr Arg Thr Ile Leu Phe Leu Ser Ser Asp Lys

450 455 460
Thr Leu Lys Pro Leu Ala Ile Glu Leu Ser Leu Pro His Pro Asp Gly

465 470 475 480
Asp Glu His Gly Ala Val Ser His Val Tyr Gln Pro Ala Leu Glu Gly

485 490 495

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

740 745 750
Pro Gln Lys Ala Tyr Leu Lys Thr Ile Thr Pro Lys Phe Gln Thr Leu

755 760 765
Ile Asp Leu Ser Val Ile Glu Ile Leu Ser Arg His Ala Ser Asp Glu

770 775 780
Val Tyr Leu Gly Glu Arg Asp Asn Pro Asn Trp Thr Ser Asp Thr Arg

785 790 795 800
Ala Leu Glu Ala Phe Lys Lys Phe Gly Asn Lys Leu Ala Glu Ile Glu

805 810 815
Lys Asn Leu Ala Gln Arg Asn Asn Asp Glu Lys Leu Arg His Arg Leu

820 825 830
Gly Pro Val Gln Met Pro Tyr Thr Leu Leu His Pro Ser Ser Glu Glu

835 840 845
Gly Leu Thr Phe Arg Gly Ile Pro Asn Ser Ile Ser Ile

850 855 860
<210> 513

<211> 857

<212> PRT

<213> Glycine soja

<400> 513

Met Leu Gly Gly Leu Leu His Arg Gly His Lys Ile Lys Gly Thr Val

1 5 10 15

Val Leu Met Arg Lys Asn Val Leu Asp Val Asn Ser Val Thr Ser Val

20 25 30

Gly Gly Ile Ile Gly Gln Gly Leu Asp Leu Val Gly Ser Thr Leu Asp

35 40 45

Thr Leu Thr Ala Phe Leu Gly Arg Ser Val Ser Leu Gln Leu Ile Ser

50 55 60

Ala Thr Lys Ala Asp Ala Asn Gly Lys Gly Lys Leu Gly Lys Ala Thr

65 70 75 80

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

85

90

95

Ser Ala Phe Lys Ile Asn Phe Glu Trp Asp Asp Gly Ser Gly Ile Pro

100

105

110

Gly Ala Phe Tyr Ile Lys Asn Phe Met Gln Thr Glu Phe Phe Leu Val

115

120

125

Ser Leu Thr Leu Glu Asp Ile Pro Asn His Gly Ser Ile His Phe Val

130

135

140

Cys Asn Ser Trp Ile Tyr Asn Ala Lys Leu Phe Lys Ser Asp Arg Ile

145

150

155

160

Phe Phe Ala Asn Gln Thr Tyr Leu Pro Ser Glu Thr Pro Ala Pro Leu

165

170

175

Val Lys Tyr Arg Glu Glu Glu Leu His Asn Leu Arg Gly Asp Gly Thr

180

185

190

Gly Glu Arg Lys Glu Trp Glu Arg Ile Tyr Asp Tyr Asp Val Tyr Asn

195

200

205

Asp Leu Gly Asp Pro Asp Lys Gly Glu Asn His Ala Arg Pro Val Leu

210

215

220

Gly Gly Asn Asp Thr Phe Pro Tyr Pro Arg Arg Gly Arg Thr Gly Arg

225

230

235

240

Lys Pro Thr Arg Lys Asp Pro Asn Ser Glu Ser Arg Ser Asn Asp Val

245

250

255

Tyr Leu Pro Arg Asp Glu Ala Phe Gly His Leu Lys Ser Ser Asp Phe

260

265

270

Leu Thr Tyr Gly Leu Lys Ser Val Ser Gln Asn Val Leu Pro Leu Leu

275

280

285

Gln Ser Ala Phe Asp Leu Asn Phe Thr Pro Arg Glu Phe Asp Ser Phe

290

295

300

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

305

310

315

320

Ile Ile Ser Lys Ile Ser Pro Leu Pro Val Leu Lys Glu Ile Phe Arg

325

330

335

Thr Asp Gly Glu Gln Ala Leu Lys Phe Pro Pro Pro Lys Val Ile Gln
340 345 350

Val Ser Lys Ser Ala Trp Met Thr Asp Glu Glu Phe Ala Arg Glu Met
355 360 365

Leu Ala Gly Val Asn Pro Asn Leu Ile Arg Cys Leu Lys Asp Phe Pro
370 375 380

Pro Arg Ser Lys Leu Asp Ser Gln Val Tyr Gly Asp His Thr Ser Gln
385 390 395 400

Ile Thr Lys Glu His Leu Glu Pro Asn Leu Glu Gly Leu Thr Val Asp
405 410 415

Glu Ala Ile Gln Asn Lys Arg Leu Phe Leu Leu Asp His His Asp Pro
420 425 430

Ile Met Pro Tyr Leu Arg Arg Ile Asn Ala Thr Ser Thr Lys Ala Tyr
435 440 445

Ala Thr Arg Thr Ile Leu Phe Leu Lys Asn Asp Gly Thr Leu Arg Pro
450 455 460

Leu Ala Ile Glu Leu Ser Leu Pro His Pro Gln Gly Asp Gln Ser Gly
465 470 475 480

Ala Phe Ser Gln Val Phe Leu Pro Ala Asp Glu Gly Val Glu Ser Ser
485 490 495

Ile Trp Leu Leu Ala Lys Ala Tyr Val Val Val Asn Asp Ser Cys Tyr
500 505 510

His Gln Leu Val Ser His Trp Leu Asn Thr His Ala Val Val Glu Pro
515 520 525

Phe Ile Ile Ala Thr Asn Arg His Leu Ser Val Val His Pro Ile Tyr
530 535 540

Lys Leu Leu His Pro His Tyr Arg Asp Thr Met Asn Ile Asn Gly Leu
545 550 555 560

Ala Arg Leu Ser Leu Val Asn Asp Gly Gly Val Ile Glu Gln Thr Phe
565 570 575

Leu Trp Gly Arg Tyr Ser Val Glu Met Ser Ala Val Val Tyr Lys Asp

580	585	590	
Trp Val Phe Thr Asp Gln Ala Leu Pro Ala Asp Leu Ile Lys Arg Gly			
595	600	605	
Met Ala Ile Glu Asp Pro Ser Cys Pro His Gly Ile Arg Leu Val Ile			
610	615	620	
Glu Asp Tyr Pro Tyr Ala Val Asp Gly Leu Glu Ile Trp Asp Ala Ile			
625	630	635	640
Lys Thr Trp Val His Glu Tyr Val Phe Leu Tyr Tyr Lys Ser Asp Asp			
	645	650	655
Thr Leu Arg Glu Asp Pro Glu Leu Gln Ala Cys Trp Lys Glu Leu Val			
	660	665	670
Glu Val Gly His Gly Asp Lys Lys Asn Glu Pro Trp Trp Pro Lys Met			
	675	680	685
Gln Thr Arg Glu Glu Leu Val Glu Ser Cys Ala Ile Ile Ile Trp Thr			
	690	695	700
Ala Ser Ala Leu His Ala Ala Val Asn Phe Gly Gln Tyr Pro Tyr Gly			
705	710	715	720
Gly Leu Ile Leu Asn Arg Pro Thr Leu Ser Arg Arg Phe Met Pro Glu			
	725	730	735
Lys Gly Ser Ala Glu Tyr Glu Glu Leu Arg Lys Asn Pro Gln Lys Ala			
	740	745	750
Tyr Leu Lys Thr Ile Thr Pro Lys Phe Gln Thr Leu Ile Asp Leu Ser			
	755	760	765
Val Ile Glu Ile Leu Ser Arg His Ala Ser Asp Glu Val Tyr Leu Gly			
	770	775	780
Glu Arg Asp Asn Pro Asn Trp Thr Ser Asp Thr Arg Ala Leu Glu Ala			
785	790	795	800
Phe Lys Arg Phe Gly Asn Lys Leu Ala Gln Ile Glu Asn Lys Leu Ser			
	805	810	815
Glu Arg Asn Asn Asp Glu Lys Leu Arg Asn Arg Cys Gly Pro Val Gln			
	820	825	830

Met Pro Tyr Thr Leu Leu Leu Pro Ser Ser Lys Glu Gly Leu Thr Phe

835 840 845

Arg Gly Ile Pro Asn Ser Ile Ser Ile

850 855

<210> 514

<211> 860

<212> PRT

<213> Phaseolus vulgaris

<400> 514

Met Phe Ser Gly Val Ser Gly Leu Ile Asn Arg Gly His Lys Leu Lys

1 5 10 15

Gly Thr Val Val Leu Met Arg Lys Asn Val Leu Asp Val Asn Ser Val

20 25 30

Thr Ser Val Gly Gly Ile Val Gly Gln Gly Leu Asp Ile Leu Gly Ser

35 40 45

Thr Val Asp Asn Leu Thr Ala Phe Leu Gly Arg Ser Val Ser Leu Gln

50 55 60

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

65 70 75 80

Lys Ala Thr Phe Leu Glu Gly Ile Ile Thr Ser Leu Pro Thr Leu Gly

85 90 95

Ala Gly Gln Ser Ala Phe Lys Ile His Phe Glu Trp Asp Asp Glu Met

100 105 110

Gly Ile Pro Gly Ala Phe Tyr Ile Lys Asn Phe Met Gln Thr Glu Phe

115 120 125

Tyr Leu Val Ser Leu Thr Leu Glu Asp Ile Pro Asn His Gly Ser Leu

130 135 140

His Phe Leu Cys Asn Ser Trp Ile Tyr Asn Ala Lys His Phe Lys Asn

145 150 155 160

Asp Arg Ile Phe Phe Val Asn Gln Ile Tyr Leu Pro Ser Glu Thr Pro

165 170 175

Ala Pro Leu Val Lys Tyr Arg Glu Glu Glu Leu Val Asn Met Arg Gly

180	185	190	
Asp Gly Thr Gly Glu Arg Lys Glu Trp Asp Arg Ile Tyr Asp Tyr Asp			
195	200	205	
Val Tyr Asn Asp Leu Gly Asp Pro Asp Lys Gly Glu Asn Asn Ala Arg			
210	215	220	
Pro Ile Leu Gly Gly Ser Asp Thr Leu Pro Tyr Pro Arg Arg Gly Arg			
225	230	235	240
Thr Gly Arg Arg Pro Thr Arg Lys Asp Pro Lys Ser Glu Ser Arg Ser			
245	250	255	
Ser Asp Ile Tyr Leu Pro Arg Asp Glu Ala Phe Gly His Leu Lys Ser			
260	265	270	
Ser Asp Phe Leu Thr Tyr Gly Leu Lys Ser Val Ser Gln Asn Phe Leu			
275	280	285	
Pro Ala Leu Gln Ser Ala Phe Asp Leu Asn Phe Thr Pro Asn Glu Phe			
290	295	300	
Asp Ser Phe Glu Glu Val His Gly Leu Tyr Ser Gly Gly Ile Lys Leu			
305	310	315	320
Pro Thr Asp Val Leu Ser Lys Ile Ser Pro Leu Pro Val Leu Lys Glu			
325	330	335	
Ile Phe Arg Thr Asp Gly Glu Gln Thr Leu Lys Phe Pro Pro Pro Lys			
340	345	350	
Val Val Gln Asp Ser Lys Ser Ala Trp Met Thr Asp Glu Glu Phe Ala			
355	360	365	
Arg Glu Met Ile Cys Gly Val Asn Pro Asn Leu Ile Arg Leu Leu Gln			
370	375	380	
Asp Phe Pro Pro Gln Ser Lys Leu Asp Ser Gln Val Tyr Gly Asp His			
385	390	395	400
Thr Ser Gln Ile Thr Lys Glu Asn Leu Glu Pro Asn Leu Glu Gly Leu			
405	410	415	
Thr Val Asp Glu Ala Ile Gln Ser Lys Arg Leu Phe Leu Leu Asp His			
420	425	430	

His Asp Ser Ile Met Pro Tyr Leu Arg Arg Ile Asn Ala Thr Ser Ser
435 440 445

Lys Ala Tyr Ala Thr Arg Thr Ile Leu Phe Leu Lys Lys Asp Arg Thr
450 455 460

Leu Lys Pro Leu Ala Ile Glu Leu Ser Leu Pro His Pro Gly Gly Asp
465 470 475 480

Lys Ser Gly Val Val Ser Gln Val Phe Leu Pro Ala Asp Glu Gly Val
485 490 495

Glu Ser Ser Val Trp Leu Leu Ala Lys Ser Tyr Val Ile Val Asn Asp
500 505 510

Ser Ser Tyr His Gln Leu Val Ser His Trp Leu Asn Thr His Ala Val
515 520 525

Val Glu Pro Phe Val Ile Ala Thr Asn Arg His Leu Ser Val Val His
530 535 540

Pro Ile Tyr Lys Leu Leu His Pro His Tyr Arg Asp Thr Met Asn Ile
545 550 555 560

Asn Ala Leu Ala Arg Gly Asp Leu Val Asn His Gly Gly Ile Ile Glu
565 570 575

Lys Thr Phe Val Trp Gly Arg Tyr Ser Met Glu Met Ser Ala Val Ile
580 585 590

Tyr Lys Asp Trp Val Phe Thr Asp Gln Ala Leu Pro Ala Asp Leu Ile
595 600 605

Lys Arg Gly Ile Ala Thr Glu Asp Pro Glu Cys Pro His Gly Leu Arg
610 615 620

Leu Phe Ile Glu Asp Tyr Pro Tyr Ala Val Asp Gly Leu Glu Ile Trp
625 630 635 640

Asp Ala Ile Lys Thr Trp Val His Glu Tyr Val Phe Leu Tyr Tyr Lys
645 650 655

Ser Asp Asp Thr Leu Lys Glu Asp Pro Glu Leu Gln Ala Trp Trp Lys
660 665 670

Glu Leu Val Glu Val Gly His Gly Asp Lys Lys Asn Glu Pro Trp Trp

675 680 685
Pro Lys Met Gln Thr Arg Glu Glu Leu Val Glu Ala Cys Ser Ile Val
690 695 700

Ile Trp Thr Ala Ser Ala Leu His Ala Ala Val Asn Phe Gly Gln Tyr
705 710 715 720
Pro Tyr Gly Gly Leu Ile Leu Asn Arg Pro Thr Leu Ser Arg Arg Phe
725 730 735
Met Pro Glu Glu Gly Ser Ala Glu Tyr Glu Glu Leu Lys Lys Ser Pro
740 745 750
Gln Lys Ala Leu Leu Lys Thr Ile Thr Pro Lys Phe Gln Thr Leu Val
755 760 765

Asp Leu Ser Val Ile Glu Ile Leu Ser Arg His Ala Ser Asp Glu Val
770 775 780
Tyr Leu Gly Glu Arg Asp Asn Pro Asn Trp Thr Ser Asp Thr Arg Ala
785 790 795 800
Leu Glu Ala Phe Lys Arg Phe Gly Lys Lys Leu Ser Glu Ile Glu Lys
805 810 815
Lys Leu Ser Gln Arg Asn Asn Asp Glu Lys Leu Arg Asn Arg Tyr Gly
820 825 830

Pro Val Met Met Pro Tyr Thr Leu Leu Phe Pro Ser Ser Asp Glu Gly
835 840 845
Leu Thr Phe Arg Gly Ile Pro Asn Ser Ile Ser Ile
850 855 860

<210> 515

<211> 498

<212> PRT

<213> Vicia sativa

<400> 515

Met Ala Lys Leu Leu Ala Leu Ser Leu Ser Phe Cys Phe Leu Leu Phe
1 5 10 15
Ser Ser Cys Phe Ala Leu Arg Glu Gln Ser Gln Gln Asn Glu Cys Gln

20	25	30	
Leu Glu Arg Ile Asn Ala Leu Glu Pro Asp Asn Arg Ile Glu Ser Glu			
35	40	45	
Gly Gly Leu Ile Glu Thr Trp Asn Pro Asn Asn Arg Gln Phe Arg Cys			
50	55	60	
Ala Arg Val Ala Leu Ser Arg Ala Thr Leu Gln Arg Asn Ala Leu Arg			
65	70	75	80
Arg Pro Tyr Tyr Ser Asn Ala Pro Gln Glu Ile Tyr Ile Gln Gln Gly			
85	90	95	
Asn Gly Tyr Phe Gly Met Val Phe Pro Gly Cys Pro Glu Thr His Glu			
100	105	110	
Glu Pro Gln Gln Ser Glu Gln Gly Glu Gly Arg Arg Tyr Arg Asp Ser			
115	120	125	
His Gln Lys Val Asn Arg Phe Arg Glu Gly Asp Ile Ile Ala Val Pro			
130	135	140	
Thr Gly Ile Ala Phe Trp Met Tyr Asn Asp Gln Asp Thr Pro Val Ile			
145	150	155	160
Ala Ile Ser Leu Thr Asp Thr Gly Ser Ser Asn Asn Gln Leu Asp Gln			
165	170	175	
Met Pro Arg Arg Phe Tyr Leu Ala Gly Asn Gln Glu Gln Glu Phe Leu			
180	185	190	
Arg Tyr Gln His Gln Gln Gly Gly Lys Gln Glu Gln Asp Asn Asp Gly			
195	200	205	
Asn Asn Ile Phe Ser Gly Phe Lys Arg Asp Phe Leu Glu Asp Ala Phe			
210	215	220	
Asn Val Asn Arg His Ile Val Asp Arg Leu Gln Gly Arg Asn Glu Asp			
225	230	235	240
Glu Glu Lys Gly Ala Ile Val Lys Val Lys Gly Gly Leu Ser Ile Ile			
245	250	255	
Ala Pro Pro Glu Arg Gln Ala Arg His Glu Arg Gly Ser Arg Gln Glu			
260	265	270	

Glu Asp Glu Asp Glu Lys Glu Glu Arg Gln Pro Ser His His Lys Ser
275 280 285

Arg Arg Asp Glu Asp Glu Asp Asp Lys Glu Lys Arg His Ser Gln Lys
290 295 300

Gly Gln Ser Arg Arg Gln Gly Asp Asn Gly Leu Glu Glu Thr Val Cys
305 310 315 320

Thr Ala Lys Leu Arg Ala Asn Ile Gly Ser Ser Pro Ser Pro Asp Ile
325 330 335

Tyr Asn Pro Gln Ala Gly Arg Ile Lys Thr Val Thr Ser Leu Asp Leu
340 345 350

Pro Val Leu Arg Trp Leu Lys Leu Ser Ala Glu His Gly Ser Leu His
355 360 365

Lys Asn Ala Met Phe Val Pro His Tyr Asn Leu Asn Ala Asn Ser Val
370 375 380

Ile Tyr Ala Leu Lys Gly Arg Ala Arg Leu Gln Val Val Asn Cys Asn
385 390 395 400

Gly Asn Thr Val Phe Asp Gly Glu Leu Glu Ala Gly Arg Ala Leu Thr
405 410 415

Val Pro Gln Asn Tyr Ala Val Ala Ala Lys Ser Leu Ser Glu Arg Phe
420 425 430

Thr Tyr Val Ala Phe Lys Thr Asp Asp Arg Ala Ser Ile Ala Arg Leu
435 440 445

Ala Gly Thr Ser Ser Val Ile Asp Asp Leu Pro Leu Asp Val Val Ala
450 455 460

Ala Thr Phe Asn Met Gln Arg Asn Glu Ala Arg Gln Leu Lys Ser Asn
465 470 475 480

Asn Pro Phe Lys Phe Leu Val Pro Pro Arg Gln Ser Glu Met Arg Ala
485 490 495

Ser Ala

<210> 516

<211> 482

<212> PRT

<213> *Vicia narbonensis*

<400> 516

Met Ala Lys Leu Leu Ala Leu Ser Leu Ser Leu Cys Phe Leu Leu Phe

1 5 10 15

Ser Asn Ser Phe Ala Leu Arg Glu Gln Ser Gln Gln Asn Glu Cys Gln

20 25 30

Leu Glu Arg Leu Asp Ala Leu Glu Pro Asp Asn Arg Ile Glu Ser Glu

35 40 45

Gly Gly Leu Ile Glu Thr Trp Asn Pro Asn Asn Arg Gln Phe Arg Cys

50 55 60

Ala Gly Val Ala Leu Ser Arg Val Thr Leu Gln Arg Asn Ala Leu Arg

65 70 75 80

Arg Pro Tyr Tyr Ser Asn Ala Pro Gln Glu Ile Tyr Ile Gln Gln Gly

85 90 95

Asn Gly Tyr Phe Gly Val Val Phe Pro Gly Cys Pro Glu Thr Phe Glu

100 105 110

Glu Pro Gln Glu Ser Glu Gln Arg Glu Arg Arg Arg Tyr Arg Asp Ser

115 120 125

His Gln Lys Val Asn Arg Phe Arg Glu Gly Asp Ile Ile Ala Val Pro

130 135 140

Thr Gly Asn Val Leu Trp Met Tyr Asn Asp Gln Asp Thr Pro Val Ile

145 150 155 160

Ala Ile Ser Leu Thr Asp Thr Gly Ser Ser Asn Asn Gln Leu Asp Gln

165 170 175

Ile Pro Arg Arg Phe Tyr Leu Ala Gly Asn Gln Glu Gln Glu Phe Leu

180 185 190

Arg Tyr Gln Arg Glu Gln Gly Gly Lys Gln Glu Gln Glu Asn Asp Gly

195 200 205

Asn Asn Ile Phe Ser Gly Phe Lys Arg Asp Phe Leu Glu Asp Ala Leu

210 215 220

Asn Val Asn Arg His Ile Val Asp Arg Leu Gln Gly Arg Asn Glu Asp

225 230 235 240

Glu Glu Lys Gly Ala Ile Val Lys Val Lys Gly Gly Leu Ser Ile Ile

245 250 255

Thr Pro Pro Glu Arg Gln Arg Gly Ser Arg Gln Glu Glu Asp Glu Asp

260 265 270

Glu Lys Glu Glu Arg Gln Pro Ser Arg Arg Arg Asp Glu Ser Gln Lys

275 280 285

Gly Glu Ser Arg Arg His Gly Asp Asn Gly Leu Glu Glu Thr Val Cys

290 295 300

Thr Ala Lys Leu Arg Val Asn Ile Gly Ser Ser Pro Ser Pro Asp Ile

305 310 315 320

Tyr Asn Pro Gln Ala Gly Arg Ile Asn Thr Val Thr Ser Leu Asp Leu

325 330 335

Pro Val Leu Arg Trp Leu Lys Leu Ser Ala Glu His Gly Ser Leu Arg

340 345 350

Lys Asn Ala Leu Ile Val Pro His Tyr Asn Arg Asn Ala Asn Ser Val

355 360 365

Ile Tyr Ala Leu Lys Gly Arg Ala Arg Leu Gln Val Val Asn Cys Asn

370 375 380

Gly Asn Thr Val Phe Asp Gly Glu Leu Glu Ala Gly Arg Ala Leu Thr

385 390 395 400

Val Pro Gln Asn Tyr Ala Val Ala Ala Lys Ser Leu Ser Glu Arg Phe

405 410 415

Thr Tyr Val Ala Phe Lys Thr Asn Asp Arg Asp Gly Ile Ala Arg Leu

420 425 430

Ala Gly Thr Ser Ser Val Ile Asn Asp Leu Pro Leu Asp Val Val Ala

435 440 445

Ala Thr Phe Asn Leu Gln Arg Asn Glu Ala Arg Gln Leu Lys Ser Asn

450 455 460

Asn Pro Phe Lys Leu Leu Val Pro Pro Arg Glu Ser Glu Lys Arg Ala

465 470 475 480

Ser Ala

<210> 517

<211> 499

 $\angle$

212> PRT

<213> Cicer arietinum

<220><221> misc_feature

<222> (189)..(196)

<223> Xaa can be any naturally occurring amino acid

<400> 517

Met Ala Lys Leu Leu Ala Leu Ser Leu Ser Phe Cys Phe Leu Leu Phe

1 5 10 15

Gly Ser Cys Phe Ala Leu Arg Asp Gln Pro Glu Gln Asn Glu Cys Gln

20 25 30

Leu Glu His Leu Asn Ala Leu Glu Pro Asp Asn Arg Ile Lys Ser Glu

35 40 45

Gly Gly Leu Ile Glu Thr Trp Asn Pro Ser Asn Lys Gln Phe Arg Cys

50 55 60

Ala Gly Val Ala Leu Ser Arg Ala Thr Leu Gln Pro Asn Ser Leu Arg

65 70 75 80

Arg Pro Phe Tyr Thr Asn Ala Pro Gln Glu Ile Phe Ile Gln Gln Gly

85 90 95

Asn Gly Tyr Phe Gly Met Val Phe Pro Gly Cys Val Glu Thr Phe Glu

100 105 110

Glu Pro Arg Glu Ser Glu Gln Gly Glu Gly Ser Lys Phe Arg Asp Ser

115 120 125

His Gln Lys Val Asn Arg Phe Arg Glu Gly Asp Ile Ile Ala Val Pro

130 135 140

Thr Gly Val Val Phe Trp Met Phe Asn Asp Gln Asp Thr Pro Val Ile

145 150 155 160

Ala Val Ser Leu Ile Asp Thr Ser Ser Phe Gln Asn Gln Leu Asp Gln

165	170	175
Met Pro Arg Arg Phe Tyr Leu Ala Gly Asn His Glu Xaa Xaa Xaa Xaa		
180	185	190
Xaa Xaa Xaa Xaa Gln Gln Glu Gly Ser Glu Glu Glu Glu Asn Glu Gly		
195	200	205
Gly Asn Ile Phe Ser Gly Phe Lys Arg Asp Phe Leu Glu Asp Ala Leu		
210	215	220
Asn Val Asn Arg Arg Ile Val Asn Lys Leu Gln Gly Arg Asn Glu Asp		
225	230	235
		240
Glu Glu Lys Gly Ala Ile Val Lys Val Lys Gly Gly Leu Ser Ile Ile		
245	250	255
Thr Pro Pro Glu Lys Glu Pro Arg Gln Lys Arg Gly Ser Arg Gln Glu		
260	265	270
Glu Asp Glu Asp Glu Asp Glu Lys Arg Gln Pro His Arg His Ser Arg		
275	280	285
Gln Asp Glu Asp Glu Asp Glu Lys Arg Gln Pro Arg Arg His Ser Arg		
290	295	300
Gly Gly Ser Lys Ser Gln Arg Asp Asn Gly Phe Glu Glu Thr Ile Cys		
305	310	315
Thr Ala Arg Leu His Gln Asn Ile Gly Ser Ser Ser Ser Pro Asp Ile		
325	330	335
Tyr Asn Pro Gln Ala Gly Arg Ile Lys Thr Val Thr Ser Phe Asp Leu		
340	345	350
Pro Ala Leu Arg Phe Leu Lys Leu Ser Ala Glu Phe Gly Ser Leu His		
355	360	365
Lys Asn Ala Met Phe Val Pro His Tyr Asn Leu Asn Ala Asn Ser Ile		
370	375	380
Leu Tyr Ala Leu Lys Gly Arg Ala Arg Leu Gln Ile Val Asn Cys Lys		
385	390	395
Gly Asn Ser Val Phe Asp Gly Glu Leu Glu Ala Gly Arg Ala Leu Ile		
405	410	415

Val Pro Gln Asn Phe Ala Ile Ala Ala Lys Ser Leu Ser Asp Arg Phe
420 425 430

Ser Tyr Val Ala Phe Lys Thr Asn Asp Arg Ala Ala Ile Gly Arg Leu
435 440 445

Leu Gly Ala Ser Ser Leu Ile Asn Gly Met Pro Glu Glu Val Val Ala
450 455 460

Ala Ala Phe Asn Met Glu Arg Asn Glu Ala Arg Gln Leu Lys Phe Asn
465 470 475 480

Ser Pro Phe Ser Phe Leu Val Pro Pro Arg Ser Asp Ser Asp Asn Lys
485 490 495

Ala Ala Ala

<210> 518

<211> 576

<212> PRT

<213> Lathyrus hirsutus

<400> 518

Met Ala Ile Ile Ile Lys Ser Arg Phe Pro Leu Leu Leu Leu Gly
1 5 10 15

Ile Ile Phe Leu Ala Ser Val Cys Ala Thr Trp Ala Asn Tyr Asp Glu
20 25 30

Gly Ser Glu Pro Arg Val Pro Gly Gln Arg Glu Arg Gly Arg Gln Glu
35 40 45

Gly Glu Lys Ala Glu Lys Ser His Glu Lys Trp Arg Pro Ser Tyr Glu
50 55 60

Glu Glu Tyr Asp Glu Gly Ser Glu Pro Arg Val Pro Gly Lys Arg Glu
65 70 75 80

Arg Gly Arg Gln Glu Gly Glu Lys Glu Glu Lys Arg His Gly Glu Trp
85 90 95

Arg Pro Ser His Glu Glu Glu Tyr Asp Glu Gly Ser Glu Pro Arg Val
100 105 110

Pro Thr His Gly Glu Arg Gly Arg Gln Glu Gly Glu Lys Glu Glu Lys

115 120 125

Arg His Glu Glu Trp Arg Pro Ser Tyr Glu Lys Glu Glu Asp Glu Glu

130 135 140

Glu Lys Glu Lys Tyr Lys Tyr Gln Arg Glu Lys Lys Glu Gln Lys Glu

145 150 155 160

Val Gln Pro Gly Arg Glu Lys Trp Glu Arg Lys Gln Asp Glu Lys His

165 170 175

Val Glu Glu Asp Glu Asp Gln Glu Glu Glu Gln Trp Arg Gly Ser Lys

180 185 190

Arg Arg Glu Asp Pro Glu Glu Arg Ala Arg Leu Arg Tyr Arg Glu Glu

195 200 205

Arg Thr Lys Ser Asn Val Glu Glu Glu Thr Glu Glu Arg Arg Asn Pro

210 215 220

Phe Leu Phe Lys Ser Asn Lys Phe Leu Thr Leu Phe Glu Asn Glu Asn

225 230 235 240

Gly His Ile Arg Arg Leu Gln Arg Phe Asp Glu Arg Ser Asp Ile Phe

245 250 255

Glu Asn Leu Gln Asn Tyr Arg Leu Val Glu Tyr Lys Ala Lys Pro His

260 265 270

Thr Met Phe Leu Pro Gln His Ile Asp Ala Asp Leu Ile Ile Val Val

275 280 285

Leu Asn Gly Lys Ala Ile Leu Thr Val Leu Ser Pro Asn Asp Arg Asn

290 295 300

Ser Tyr Asn Leu Glu Arg Gly Asp Thr Ile Lys Leu Pro Ala Gly Thr

305 310 315 320

Thr Ser Tyr Leu Val Asn Gln Asp Asp Glu Glu Asp Leu Arg Val Val

325 330 335

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

340 345 350

Leu Ser Ala Asn Lys Asn Gln Tyr Leu Arg Gly Phe Ser Lys Asn Ile

355 360 365
Leu Glu Ala Phe Leu Asn Thr Lys Tyr Glu Thr Ile Glu Lys Val Leu

370 375 380
Leu Glu Glu Gln Glu Arg Arg Asp Arg Lys Gly Arg Gln Gln Gly Gln
385 390 395 400
Glu Thr Asn Ala Ile Val Lys Val Ser Arg Glu Gln Ile Glu Glu Leu
405 410 415
Arg Lys Leu Ala Lys Ser Ser Ser Lys Lys Ser Leu Leu Ser Glu Ser
420 425 430
Glu Pro Ile Asn Leu Arg Ser Gln Asn Pro Lys Tyr Ser Asn Lys Phe

435 440 445
Gly Lys Leu Phe Glu Ile Thr Pro Glu Lys Lys Tyr Pro Gln Leu Gln
450 455 460
Asp Leu Asp Val Ser Ile Ser Cys Val Glu Ile Asn Glu Gly Ala Pro
465 470 475 480
Leu Leu Pro His Tyr Asn Ser Arg Ala Ile Val Leu Leu Leu Val Asn
485 490 495
Glu Gly Lys Gly Asn Leu Glu Leu Val Gly Phe Lys Asn Glu Gln Gln

500 505 510
Arg Gln Arg Glu Asn Glu Glu Arg Asn Lys Lys Val Gln Arg Tyr Glu
515 520 525
Ala Arg Leu Ser Pro Gly Asp Val Val Val Ile Pro Ala Gly His Pro
530 535 540
Val Ala Ile Ser Ala Ser Leu Asn Leu Asn Leu Val Gly Phe Gly Val
545 550 555 560
Asn Ala Glu Asn Asn Gln Arg Asn Phe Leu Thr Gly Ser Asp Asp Asn

565 570 575

<210> 519

<211> 564

<212> PRT

<213> Lathyrus cicera

<400> 519

Met Ala Thr Ile Ile Lys Ser Arg Phe Pro Leu Leu Leu Leu Gly

1 5 10 15

Ile Ile Phe Leu Ala Ser Val Cys Val Thr Leu Ala Asn Tyr Asp Glu

20 25 30

Gly Ser Glu Pro Arg Val Pro Ala Gln Arg Glu Arg Gly Arg Gln Glu

35 40 45

Gly Glu Lys Glu Glu Lys Arg His Gly Glu Trp Arg Pro Ser His Glu

50 55 60

Lys Glu Tyr Asp Glu Gly Ser Glu Pro Arg Val Pro Gly Arg Arg Glu

65 70 75 80

Arg Gly Arg Gln Glu Gly Glu Lys Glu Glu Lys Arg His Gly Glu Trp

85 90 95

Arg Pro Ser Tyr Glu Lys Glu Tyr Asp Glu Gly Ser Glu Pro Arg Val

100 105 110

Pro Gly Arg Arg Glu Arg Gly Arg Gln Glu Gly Glu Lys Glu Glu Lys

115 120 125

Arg His Gly Glu Trp Arg Pro Ser Tyr Glu Lys Glu Tyr Asp Glu Glu

130 135 140

Glu Lys Gln Lys Tyr Gln Tyr Glu Arg Glu Lys Glu Glu Gln Lys Glu

145 150 155 160

Val Gln Pro Gly Arg Glu Arg Trp Glu Arg Lys Glu Asp Glu Glu Lys

165 170 175

Glu Glu Asp Gln Trp Arg Gly Ser Gln Arg His Glu Asp Pro Glu Glu

180 185 190

Arg Ala Arg Leu Arg Tyr Arg Lys Glu Arg Thr Lys Lys Tyr Val Glu

195 200 205

Glu Asp Thr Glu Glu Thr Ser Ser Glu Ser Gln Gly Arg Arg Asn Pro

210 215 220

Phe Leu Phe Lys Ser Asn Lys Phe Leu Thr Leu Phe Glu Asn Glu Asn

225 230 235 240

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

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

 Leu Asn Thr Lys Tyr Glu Thr Ile Glu Lys Val Leu Leu Glu Glu Gln
 370 375 380
 Gln Lys Gln Gly Gln Glu Thr Asn Ala Ile Val Lys Val Ser Arg Glu
 385 390 395 400
 Gln Ile Glu Glu Leu Arg Lys Leu Ala Lys Ser Ser Ser Lys Lys Ser
 405 410 415
 Leu Leu Ser Glu Leu Glu Pro Val Asn Leu Arg Ser His Ser Pro Lys
 420 425 430

 Tyr Ser Asn Lys Phe Gly Lys Phe Phe Glu Ile Thr Pro Glu Lys Lys
 435 440 445
 Tyr Pro Gln Leu Gln Asp Leu Asp Val Ser Ile Ser Cys Val Glu Ile
 450 455 460
 Asn Glu Gly Ala Leu Leu Leu Pro His Tyr Asn Ser Arg Ala Ile Val
 465 470 475 480
 Val Val Leu Val Asn Glu Gly Lys Gly Asn Leu Glu Leu Leu Gly Val

485 490 495

Gln Asn Glu Asp Glu Gln Gln Glu Arg Lys Glu Arg Asn Lys Glu Val

500 505 510

Gln Arg Tyr Glu Ala Arg Leu Ser Pro Gly Asp Val Val Ile Ile Pro

515 520 525

Ser Gly His Pro Val Ala Val Ser Ala Ser Ser Asn Leu Asn Leu Leu

530 535 540

Gly Phe Gly Ile Asn Ala Glu Asn Asn Gln Arg Asn Phe Leu Ser Gly

545 550 555 560

Ser Asp Asp Asn

<210> 520

<211> 527

<212> PRT

<213> Lathyrus sativus

<400> 520

Met Ala Thr Ile Ile Lys Ser Arg Phe Pro Leu Leu Leu Leu Leu Gly

1 5 10 15

Ile Ile Phe Leu Ala Ser Val Cys Val Thr Tyr Ala Asn Tyr Asp Glu

20 25 30

Gly Ser Glu Pro Arg Val Pro Ala Gln Arg Glu Arg Gly Arg Gln Glu

35 40 45

Gly Glu Lys Glu Glu Lys Arg His Gly Glu Trp Arg Pro Ser Ser Glu

50 55 60

Lys Glu Tyr Asp Glu Gly Ser Glu Pro Arg Val Pro Gly Arg Arg Glu

65 70 75 80

Arg Gly Arg Gln Glu Gly Glu Lys Glu Glu Lys Arg His Gly Glu Trp

85 90 95

Arg Pro Ser Tyr Glu Lys Glu Tyr Asp Glu Glu Glu Lys Gln Lys Tyr

100 105 110

Gln Tyr Glu Arg Glu Lys Lys Glu Gln Lys Glu Val Glu Pro Gly Arg

115	120	125	
Glu Arg Trp Glu Arg Lys Glu Asp Glu Glu Lys Glu Glu Asp Gln Trp			
130	135	140	
Arg Gly Ser Gln Arg His Glu Asp Pro Glu Glu Arg Ala Arg Leu Arg			
145	150	155	160
Tyr Arg Lys Glu Arg Thr Lys Lys Tyr Val Glu Glu Asp Thr Glu Glu			
165	170	175	
Thr Ser Ser Glu Ser Gln Gly Arg Arg Asn Pro Phe Leu Phe Lys Ser			
180	185	190	
Asn Lys Phe Leu Thr Leu Phe Glu Asn Glu Asn Gly Tyr Ile Arg Arg			
195	200	205	
Leu Gln Arg Phe Asp Glu Arg Ser Asp Leu Phe Glu Asn Leu Gln Asn			
210	215	220	
Tyr Arg Leu Val Glu Tyr Arg Ala Lys Pro His Thr Ile Phe Leu Pro			
225	230	235	240
Gln His Ile Asp Ala Asp Leu Ile Leu Val Ile Leu Asn Gly Lys Ala			
245	250	255	
Ile Leu Thr Val Leu Ser Pro Asn Asp Arg Asn Ser Tyr Asn Leu Glu			
260	265	270	
Arg Gly Asp Thr Ile Lys Leu Pro Ala Gly Thr Thr Ser Tyr Leu Val			
275	280	285	
Asn Glu Asp Asp Glu Glu Asp Leu Arg Val Val Asp Leu Val Ile Pro			
290	295	300	
Val Asn Arg Pro Gly Lys Phe Glu Ala Phe Asp Leu Asn Gln Tyr Leu			
305	310	315	320
Gly Gly Phe Ser Lys Ser Val Leu Lys Ala Ser Leu Asn Thr Lys Tyr			
325	330	335	
Glu Thr Ile Glu Lys Val Leu Leu Glu Glu Gln Gln Lys Gln Gly Gln			
340	345	350	
Glu Thr Asn Ala Ile Val Lys Val Ser Arg Glu Gln Ile Glu Glu Leu			
355	360	365	

Arg Lys Leu Ala Lys Ser Ser Ser Lys Lys Ser Leu Leu Ser Glu Leu
370 375 380

Glu Pro Val Asn Leu Arg Ser His Ser Pro Lys Tyr Ser Asn Lys Phe
385 390 395 400

Gly Lys Phe Phe Glu Ile Thr Pro Glu Lys Lys Tyr Pro Gln Leu Gln
405 410 415

Asp Leu Asp Val Ser Ile Ser Cys Val Glu Ile Asn Glu Gly Ala Leu
420 425 430

Leu Leu Pro His Tyr Asn Ser Arg Ala Ile Val Val Leu Leu Val Asn
435 440 445

Glu Gly Lys Gly Asn Leu Glu Leu Leu Gly Val Gln Asp Glu Asp Glu
450 455 460

Gln Gln Glu Arg Lys Lys Arg Asn Lys Glu Val Gln Arg Tyr Glu Ala
465 470 475 480

Arg Leu Ser Pro Ser Asp Val Val Ile Ile Pro Ala Gly His Pro Val
485 490 495

Ala Val Ser Ala Ser Ser Asn Leu Asn Leu Leu Gly Phe Gly Ile Asn
500 505 510

Ala Glu Asn Asn Glu Arg Asn Phe Leu Ser Gly Ser Asp Asp Asn
515 520 525

<210> 521

<211> 463

<212> PRT

<213> *Medicago truncatula*

<400> 521

Met Ala Ile Lys Ala Pro Phe Gln Leu Leu Met Leu Leu Gly Ile Phe
1 5 10 15

Phe Leu Ala Ser Val Cys Val Ser Ser Arg Asp Asp Arg His Asp Gln
20 25 30

Glu Asn Pro Phe Phe Phe Asn Ala Asn His Phe Gln Thr Leu Phe Glu
35 40 45

Asn Glu Asn Gly His Ile Arg Leu Leu Gln Arg Phe Asp Lys Arg Ser

50 55 60
 Lys Ile Phe Glu Asn Leu Gln Asn Tyr Arg Leu Leu Glu Tyr His Ser
 65 70 75 80
 Lys Pro His Thr Leu Phe Leu Pro Gln His Asn Asp Ala Asp Phe Ile

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

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

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

 275 280 285
 Val Asn Tyr Ala Glu Ile Arg Glu Gly Ser Leu Leu Leu Pro His Phe
 290 295 300

Asn Ser Arg Ala Thr Val Ile Val Val Val Asp Glu Gly Lys Gly Glu
 305 310 315 320
 Phe Glu Leu Val Gly Gln Arg Asn Glu Asn Gln Gln Glu Gln Arg Glu
 325 330 335
 Glu Asp Glu Gln Gln Glu Glu Glu Arg Ser Gln Gln Val Gln Arg Tyr

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

 405 410 415
 Gly Ser Ala Gln Asp Val Glu Ser Leu Leu Lys Asn Gln Arg Gln Ser
 420 425 430
 Tyr Phe Ala Asn Ala Gln Pro Gln Gln Arg Glu Arg Glu Glu Gly Arg
 435 440 445
 Ser Gln Arg Gln Arg Glu Leu Ile Ser Ser Ile Leu Gly Val Phe
 450 455 460
 <210> 522
 <211> 499
 <212> PRT
 <213> Vicia pannonica

 <400> 522
 Met Ala Thr Thr Phe Lys Ser Arg Phe Ser Leu Leu Leu Leu Leu Gly
 1 5 10 15
 Ile Ile Phe Leu Ala Phe Val Cys Val Thr Cys Ala Asn Tyr Asp Glu
 20 25 30
 Gly Ser Glu Pro Arg Val Pro Gly Gln Arg Glu Arg Gly Arg Gln Glu
 35 40 45
 Gly Glu Lys Glu Glu Gln Ser Arg Glu Arg His Pro Gln Arg Glu Pro

50	55	60	
Ser Arg Glu Lys Glu Glu Asp Glu Glu Glu Lys Gln Lys Tyr Asp Glu			
65	70	75	80
Gly Thr Glu Pro Arg Val Pro Gly Gln Arg Glu Arg Gly Arg Gln Glu			
	85	90	95
Gly Glu Lys Glu Glu Gln Arg Arg Glu Arg His Pro Gly Gln Arg Glu			
	100	105	110
Pro Ser Gln Glu Glu Asp Glu Glu Arg Glu Glu Ser Asp Arg Arg Gln			
	115	120	125
Glu Gly Ser Ser Lys Ser Glu Glu Gln Arg Asn Pro Phe Leu Phe Lys			
	130	135	140
Ser Asn Lys Phe Leu Thr Leu Phe Gln Asn Gly Asn Gly His Ile Arg			
145	150	155	160
Leu Leu Gln Arg Phe Asp Lys Arg Ser Asp Leu Phe Glu Asn Leu Gln			
	165	170	175
Asn Tyr Arg Leu Leu Glu Tyr Arg Ala Lys Pro His Thr Ile Phe Leu			
	180	185	190
Pro Gln His Ile Asp Ala Asp Leu Ile Leu Val Val Leu Ser Gly Arg			
	195	200	205
Ala Ile Leu Thr Val Leu Ser Pro Asp Asp Arg Asn Ser Tyr Asn Leu			
	210	215	220
Glu Arg Gly Asp Thr Ile Lys Leu Pro Ala Gly Thr Thr Ser Tyr Pro			
225	230	235	240
Leu Asn Gln Asp Asp Glu Glu Asp Leu Arg Val Val Asp Leu Ala Ile			
	245	250	255
Ser Val Asn Arg Pro Gly Lys Val Glu Ser Phe Asn Leu Ser Gly Asn			
	260	265	270
Lys Asn Gln Tyr Leu Arg Gly Phe Ser Glu Asn Ile Leu Glu Ala Ser			
	275	280	285
Phe Asn Thr Lys Tyr Glu Thr Ile Glu Lys Val Leu Leu Glu Glu Gln			
	290	295	300

Asp Lys Glu Ser Gln Gln Pro Arg Gly Gln Arg Leu Gln Arg Gln Glu
305 310 315 320

Thr Asn Ala Leu Val Lys Val Ser Arg Glu Gln Val Glu Glu Leu Lys
325 330 335

Arg Leu Ala Arg Thr Ser Ser Lys Lys Gly Val Ser Ser Glu Phe Glu
340 345 350

Pro Phe Asn Leu Arg Ser His Gly Pro Lys Tyr Ser Asn Lys Phe Gly
355 360 365

Lys Phe Phe Glu Ile Thr Pro Glu Lys Lys Tyr Pro Gln Leu Gln Asp
370 375 380

Leu Asp Ile Ser Val Ser Ser Val Glu Ile Asn Glu Gly Ala Leu Phe
385 390 395 400

Leu Pro His Tyr Asn Ser Arg Ala Ile Val Val Val Leu Val Asp Glu
405 410 415

Gly Lys Gly Asn Leu Glu Leu Val Gly Phe Lys Asn Glu Gln Gln Glu
420 425 430

Gln Arg Glu Lys Glu Asp Glu Gln Glu Glu Arg Asn Lys Gln Val Gln
435 440 445

Arg Tyr Glu Ala Lys Leu Ser Pro Gly Asp Val Val Ile Ile Pro Ala
450 455 460

Gly His Pro Val Ala Val Ser Ala Ser Ser Asn Leu Asn Leu Leu Gly
465 470 475 480

Phe Gly Ile Asn Ala Glu Asn Asn Gln Arg Asn Phe Leu Thr Gly Ser
485 490 495

Asp Asp Asn

<210> 523

<211> 515

<212> PRT

<213> Vicia ludoviciana

<400> 523

Met Ala Thr Thr Ile Lys Leu Arg Phe Pro Leu Leu Leu Leu Leu Gly

1 5 10 15

Val Ile Leu Leu Ala Ser Val Cys Val Thr Cys Ala Asn Tyr Asp Glu

20 25 30

Gly Ser Glu Pro Arg Val Pro Gly Arg Pro Glu Gly Glu Lys Glu Glu

35 40 45

Lys His Arg Gly Lys Leu Arg Pro Ser Tyr Glu Lys Glu Glu Asp Glu

50 55 60

Gly Glu Lys Gln Arg Tyr His Tyr Glu Lys Lys Glu Gln Lys Glu Ala

65 70 75 80

Gln Pro Arg Arg Glu Lys Lys Glu Gln Lys Glu Glu Glu Lys Gln Val

85 90 95

Glu Glu Glu Ser Arg Glu Ser Gln Arg Tyr Glu Asp Pro Gly Glu Arg

100 105 110

Ala Arg Glu Arg Tyr Arg Ala Glu Ile Ile Lys Arg Gln Val Glu Lys

115 120 125

Glu Arg Glu Glu Arg Asp Arg Arg His Gln Arg Glu Gly Glu Glu Glu

130 135 140

Glu Gly Ser Ser Lys Ser Arg Asn Pro Phe Leu Phe Lys Ser Asn Asn

145 150 155 160

Phe Leu Thr Leu Phe Glu Asn Glu Asn Gly His Ile Arg Leu Leu Gln

165 170 175

Arg Phe Asp Lys Arg Ser Asp Leu Phe Glu Asn Leu Gln Asn Tyr Arg

180 185 190

Leu Val Glu Tyr Arg Ala Lys Pro His Thr Ile Phe Leu Pro Gln His

195 200 205

Ile Asp Ala Asp Leu Ile Leu Val Val Leu Ser Gly Lys Ala Ile Leu

210 215 220

Thr Val Leu Ser Pro Asn Asn Arg Asn Ser Tyr Asn Leu Lys Arg Gly

225 230 235 240

Asp Thr Ile Lys Leu Pro Ala Gly Thr Thr Ser Tyr Leu Leu Asn Ser

245 250 255
Asp Asp Glu Glu Asp Leu Arg Met Val Asp Leu Ala Ile Ser Val Asn

260 265 270
Arg Pro Gly Lys Val Glu Ser Phe Asn Leu Ser Gly Asn Lys Asn Gln

275 280 285
Tyr Leu Arg Gly Phe Ser Lys Asn Ile Leu Glu Ala Ser Phe Asn Thr

290 295 300
Lys Tyr Glu Thr Ile Glu Lys Val Leu Leu Glu Glu Gln Asp Lys Glu

305 310 315 320
Ser Gln Gln Ser Ile Gly Gln Lys Arg Ile Ser Gln Arg Gln Glu Thr

325 330 335
Asn Ala Leu Val Lys Val Ser Arg Glu Gln Ile Glu Glu Pro Lys Arg

340 345 350
Leu Ala Arg Ser Ser Ser Arg Lys Gly Val Ser Ser Glu Phe Glu Pro

355 360 365
Ile Asn Leu Arg Ser Gln Arg Pro Lys Tyr Ser Asn Lys Phe Gly Lys

370 375 380
Phe Tyr Glu Ile Ser Pro Glu Lys Lys Tyr Pro Gln Leu Gln Asp Leu

385 390 395 400
Asp Val Ser Val Ser Ser Val Glu Ile Asn Glu Gly Ala Leu Leu Leu

405 410 415
Pro His Tyr Asn Ser Arg Ala Ile Val Thr Val Leu Val Asn Glu Gly

420 425 430
Lys Gly Asn Leu Glu Leu Ile Gly Phe Gln Asn Glu Gln Gln Gly Gln

435 440 445
Arg Glu Lys Glu Asp Glu Gln Gln His Glu Arg Asn Lys Gln Val Gln

450 455 460
Arg Tyr Asp Ala Arg Leu Ser Ser Gly Asp Val Val Ile Ile Pro Ala

465 470 475 480
Gly His Pro Val Ala Val Ser Ala Ser Ser Asn Leu Asp Leu Leu Gly

485 490 495

Phe Gly Ile Asn Ala Glu Asn Ser Gln Arg Asn Phe Leu Thr Gly Ser
 500 505 510
 Asp Asp Asn
 515
 <210> 524
 <211> 454

 <212> PRT
 <213> *Oryza sativa*
 <400> 524
 Cys Arg Phe Asp Arg Leu Gln Ala Phe Glu Pro Ile Arg Ser Val Arg
 1 5 10 15
 Ser Gln Ala Gly Thr Thr Glu Phe Phe Asp Val Ser Asn Glu Gln Phe
 20 25 30
 Gln Cys Thr Gly Val Ser Ala Val Arg Arg Val Ile Glu Pro Arg Gly
 35 40 45
 Leu Leu Leu Pro His Tyr Thr Asn Gly Ala Ser Leu Val Tyr Ile Ile

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

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

Glu Arg Ser Gln Asn Ile Phe Ser Gly Phe Ser Thr Glu Leu Leu Ser

180 185 190

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

195 200 205

Asn Asp Gln Arg Gly Glu Ile Val Arg Val Glu His Gly Leu Ser Leu

210 215 220

Leu Gln Pro Tyr Ala Ser Leu Gln Glu Gln Glu Gln Gly Gln Val Gln

225 230 235 240

Ser Arg Glu Arg Tyr Gln Glu Gly Gln Tyr Gln Gln Ser Gln Tyr Gly

245 250 255

Ser Gly Cys Ser Asn Gly Leu Asp Glu Thr Phe Cys Thr Met Lys Val

260 265 270

Arg Gln Asn Ile Asp Asn Pro Asn Arg Ala Asp Thr Tyr Asn Pro Arg

275 280 285

Ala Gly Arg Val Thr Asn Leu Asn Thr Gln Asn Phe Pro Ile Leu Asn

290 295 300

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

305 310 315 320

Leu Ser Pro Phe Trp Asn Ile Asn Ala His Ser Val Val Tyr Ile Thr

325 330 335

Gln Gly Arg Ala Arg Val Gln Val Val Asn Asn Asn Gly Lys Thr Val

340 345 350

Phe Asn Gly Glu Leu Arg Arg Gly Gln Leu Leu Ile Ile Pro Gln His

355 360 365

Tyr Ala Val Val Lys Lys Ala Gln Arg Glu Gly Cys Ala Tyr Ile Ala

370 375 380

Phe Lys Thr Asn Pro Asn Ser Met Val Ser His Ile Ala Gly Lys Ser

385 390 395 400

Ser Ile Phe Arg Ala Leu Pro Asn Asp Val Leu Ala Asn Ala Tyr Arg

405 410 415

Ile Ser Arg Glu Glu Ala Gln Arg Leu Lys His Asn Arg Gly Asp Glu

420 425 430
Phe Gly Ala Phe Thr Pro Ile Gln Tyr Lys Ser Tyr Gln Asp Val Tyr

435 440 445
Asn Ala Ala Glu Ser Ser

450
<210> 525
<211> 500
<212> PRT
<213> *Zizania latifolia*

<400> 525
Met Asn Met Ala Thr Ile Asn Gly Pro Thr Ile Phe Phe Thr Val Cys
1 5 10 15
Leu Phe Leu Leu Cys His Gly Ser Leu Ala Gln Leu Leu Gly Gln Ser
20 25 30
Thr Ser Gln Trp Gln Ser Ser His Arg Gly Ser Ser Arg Gln Cys Arg

35 40 45
Phe Asp Arg Leu Gln Ala Phe Glu Pro Val Arg Ser Val Arg Ser Gln
50 55 60
Ala Gly Thr Thr Glu Phe Phe Asp Ala Ser Asn Glu Leu Phe Gln Cys
65 70 75 80
Ala Gly Val Ser Ile Val Arg Arg Ile Ile Glu Pro Arg Gly Leu Leu
85 90 95
Leu Pro Gln Tyr Thr Asn Gly Ala Thr Ile Met Tyr Ile Ile Gln Gly

100 105 110
Arg Gly Ile Thr Gly Gln Thr Phe Pro Gly Cys Pro Glu Ser Tyr Gln
115 120 125
Gln Gln Phe Gln Gln Ser Met Gln Ala Gln Leu Thr Gly Ser Gln Ser
130 135 140
Gln Ser Gln Lys Phe Lys Asp Glu His Gln Lys Ile Asn Arg Phe Arg
145 150 155 160
Gln Gly Asp Val Ile Ala Leu Pro Ala Gly Val Ala His Trp Cys Tyr

165 170 175
 Asn Asp Gly Glu Val Pro Val Val Ala Ile Tyr Val Ile Asp Ile Asn
 180 185 190
 Asn Ala Ala Asn Gln Leu Asp Pro Arg Gln Arg Asp Phe Leu Leu Ala
 195 200 205
 Gly Asn Met Arg Ser Pro Gln Ala Tyr Arg Arg Glu Val Glu Asn Gln
 210 215 220
 Ser Gln Asn Ile Phe Ser Gly Phe Ser Ala Glu Leu Leu Ser Glu Ala

 225 230 235 240
 Leu Gly Ile Ser Thr Gly Val Ala Arg Gln Leu Gln Cys Gln Asn Asp
 245 250 255
 Gln Arg Gly Glu Ile Val Arg Val Glu His Gly Leu Ser Leu Leu Gln
 260 265 270
 Pro Tyr Ala Ser Leu Gln Glu Gln Glu Gln Lys Gln Glu Gln Pro Arg
 275 280 285
 Glu Arg Tyr Gln Val Thr Gln His Gln Gln Ser Gln Tyr Gly Gly Gly

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

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

Val Val Lys Lys Ala Gln Arg Glu Gly Cys Ala Tyr Ile Ala Phe Lys

420 425 430

Thr Asn Pro Asn Ser Met Val Ser His Ile Val Gly Lys Ser Ser Ile

435 440 445

Phe Arg Ala Leu Pro Thr Asp Val Leu Ala Asn Ala Tyr Arg Ile Ser

450 455 460

Arg Glu Asp Ala Gln Arg Leu Lys His Asn Arg Gly Asp Glu Leu Gly

465 470 475 480

Ala Phe Thr Pro Leu Gln Tyr Lys Ser Tyr Gln Asp Val Ser Ser Val

485 490 495

Ala Ala Ser Ser

500

<210> 526

<211> 527

<212> PRT

<213> Avena sativa

<400> 526

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

1 5 10 15

Leu Leu Phe His Gly Ser Met Ala Gln Leu Phe Gly Gln Ser Ser Thr

20 25 30

Pro Trp Gln Ser Ser Arg Gln Gly Gly Leu Arg Gly Cys Arg Phe Asp

35 40 45

Arg Leu Gln Ala Phe Glu Pro Leu Arg Gln Val Arg Ser Gln Ala Gly

50 55 60

Ile Thr Glu Tyr Phe Asp Glu Gln Asn Glu Gln Phe Arg Cys Thr Gly

65 70 75 80

Val Ser Val Ile Arg Arg Val Ile Glu Pro Gln Gly Leu Val Leu Pro

85 90 95

Gln Tyr His Asn Ala Pro Ala Leu Val Tyr Ile Leu Gln Gly Arg Gly

100 105 110

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

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

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

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

355 360 365
 Ile Val Gln Met Ser Ala Thr Arg Val Asn Leu Tyr Gln Asn Ala Ile
 370 375 380
 Leu Ser Pro Phe Trp Asn Ile Asn Ala His Ser Val Ile Tyr Met Ile
 385 390 395 400
 Gln Gly His Ala Arg Val Gln Val Val Asn Asn Asn Gly Gln Thr Val
 405 410 415
 Phe Asn Asp Ile Leu Arg Arg Gly Gln Leu Leu Ile Val Pro Gln His
 420 425 430

 Phe Val Val Leu Lys Lys Ala Glu Arg Glu Gly Cys Gln Tyr Ile Ser
 435 440 445
 Phe Lys Thr Asn Pro Asn Ser Met Val Ser His Ile Ala Gly Lys Ser
 450 455 460
 Ser Ile Leu Arg Ala Leu Pro Ile Asp Val Leu Ala Asn Ala Tyr Arg
 465 470 475 480
 Ile Ser Arg Gln Glu Ala Arg Asn Leu Lys Asn Asn Arg Gly Glu Glu
 485 490 495

 Phe Gly Ala Phe Thr Pro Lys Leu Thr Gln Lys Gly Phe Gln Ser Tyr
 500 505 510
 Gln Asp Ile Glu Glu Gly Ser Ser Ser Pro Val Arg Ala Ser Glu
 515 520 525
 <210> 527
 <211> 495
 <212> PRT
 <213> Oryza sativa
 <400> 527
 Met Thr Ile Ser Val Phe Ser Arg Phe Ser Ile Tyr Phe Cys Val Leu
 1 5 10 15
 Leu Leu Cys Asn Gly Ser Met Ala Gln Leu Phe Asp Pro Ala Thr Asn

 20 25 30
 Gln Trp Gln Thr His Arg Gln Gly Ser Phe Arg Glu Cys Arg Phe Glu

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

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

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

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

 275 280 285

Glu Lys Pro Gln Thr Ser Ser Arg Trp Asn Gly Leu Glu Glu Asn Leu
290 295 300

Cys Thr Ile Lys Thr Arg Leu Asn Ile Glu Asn Pro Ser Arg Ala Asp
305 310 315 320

Ser Tyr Asp Pro Arg Ala Gly Arg Ile Thr Ser Leu Asp Ser Gln Lys
325 330 335

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

Tyr Gln Asn Ala Ile Leu Thr Pro Phe Trp Asn Val Asn Ala His Ser
355 360 365

Leu Met Tyr Val Ile Arg Gly Arg Ala Arg Val Gln Val Val Ser Asn
370 375 380

Phe Gly Lys Thr Val Phe Asp Gly Val Leu Arg Pro Glu Gln Leu Leu
385 390 395 400

Ile Ile Pro Gln Asn Tyr Val Val Leu Lys Lys Ala Gln His Glu Gly
405 410 415

Cys Gln Tyr Ile Ala Ile Asn Thr Asn Ala Asn Ala Phe Val Ser His
420 425 430

Leu Ala Gly Val Asp Ser Val Phe His Ala Leu Pro Val Asp Val Ile
435 440 445

Ala Asn Ala Tyr Cys Ile Ser Arg Glu Glu Ala Arg Arg Leu Lys Asn
450 455 460

Asn Arg Gly Asp Glu Tyr Gly Pro Phe Pro Pro Arg Leu Gln Gln Gln
465 470 475 480

Ile Tyr Pro Glu Phe Ser Asn Glu Ser Lys Gly Glu Thr Ser Glu
485 490 495

<210> 528
<211> 480
<212> PRT
<213> Oryza sativa
<400> 528

Leu Leu Cys His Gly Ser Met Ala Gln Ile Phe Ser Leu Gly Ile Asn

1	5	10	15
Pro Trp Gln Asn Pro Arg Gln Gly Gly Ser Arg Glu Cys Arg Phe Asp			
	20	25	30
Arg Leu Gln Ala Phe Glu Pro Leu Arg Lys Val Arg His Glu Ala Gly			
	35	40	45
Val Thr Glu Tyr Phe Asp Glu Lys Asn Glu Gln Phe Gln Cys Thr Gly			
	50	55	60
Thr Leu Val Ile Arg Arg Ile Ile Glu Pro Gln Gly Leu Leu Leu Pro			
65	70	75	80
Arg Tyr Ser Asn Thr Pro Gly Leu Val Tyr Ile Ile Gln Gly Thr Gly			
	85	90	95
Val Leu Gly Leu Thr Phe Pro Gly Cys Pro Ala Thr Tyr Gln Lys Gln			
	100	105	110
Phe Arg His Phe Gly Leu Glu Gly Gly Ser Gln Arg Gln Gly Lys Lys			
	115	120	125
Leu Arg Asp Glu Asn Gln Lys Ile His Gln Phe Arg Gln Gly Asp Val			
	130	135	140
Val Ala Leu Pro Ser Gly Ile Pro His Trp Phe Tyr Asn Glu Gly Asp			
145	150	155	160
Thr Pro Val Val Ala Leu Phe Val Phe Asp Val Asn Asn Asn Ala Asn			
	165	170	175
Gln Leu Glu Pro Arg Gln Lys Glu Phe Leu Leu Ala Gly Asn Asn Ile			
	180	185	190
Glu Gln Gln Val Ser Asn Pro Ser Ile Asn Lys His Ser Gly Gln Asn			
	195	200	205
Ile Phe Asn Gly Phe Asn Thr Lys Leu Leu Ser Glu Ala Leu Gly Val			
	210	215	220
Asn Ile Glu Val Thr Arg Arg Leu Gln Ser Gln Asn Asp Arg Arg Gly			
225	230	235	240
Asp Ile Ile Arg Val Lys Asn Gly Leu Arg Leu Ile Lys Pro Thr Ile			
	245	250	255

Thr Gln Gln Gln Glu Gln Thr Gln Asp Gln Tyr Gln Gln Ile Gln Tyr

260 265 270

His Arg Glu Gln Arg Ser Thr Ser Lys Tyr Asn Gly Leu Asp Glu Asn

275 280 285

Phe Cys Ala Ile Arg Ala Arg Leu Asn Ile Glu Asn Pro Asn His Ala

290 295 300

Asp Thr Tyr Asn Pro Arg Ala Gly Arg Ile Thr Asn Leu Asn Ser Gln

305 310 315 320

Lys Phe Ser Ile Leu Asn Leu Val Gln Met Ser Ala Thr Arg Val Asn

325 330 335

Leu Tyr Gln Asn Ala Ile Leu Ser Pro Phe Trp Asn Ile Asn Ala His

340 345 350

Ser Leu Val Tyr Thr Ile Gln Gly Arg Ala Arg Val Gln Val Val Ser

355 360 365

Asn His Gly Lys Ala Val Phe Asn Gly Val Leu Arg Pro Gly Gln Leu

370 375 380

Leu Ile Ile Pro Gln Asn Tyr Val Val Met Lys Lys Ala Glu Leu Glu

385 390 395 400

Gly Phe Gln Phe Ile Ala Phe Lys Thr Asn Pro Asn Ala Met Val Asn

405 410 415

His Ile Ala Gly Lys Asn Ser Val Leu Arg Ala Met Pro Val Asp Val

420 425 430

Ile Ala Asn Ala Tyr Arg Ile Ser Arg Gln Glu Ala Arg Ser Leu Lys

435 440 445

Asn Asn Arg Gly Glu Glu Ile Gly Ala Phe Thr Pro Arg Tyr Gln Gln

450 455 460

Gln Lys Ile His Gln Glu Tyr Ser Asn Pro Asn Glu Ser Glu Thr Gln

465 470 475 480

<210> 529

<211> 518

<212> PRT

<213> *Oryza sativa*

<400> 529

```

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

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

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

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

```


Lys Ile Gln Ser Gln Asn Asp Gln Arg Gly Glu Ile Ile Arg Val Ser

245 250 255

Gln Gly Leu Gln Phe Leu Lys Pro Phe Val Ser Gln Gln Gly Pro Val

260 265 270

Glu His Gln Ala Tyr Gln Pro Ile Gln Ser Gln Gln Glu Gln Ser Thr

275 280 285

Gln Tyr Gln Val Gly Gln Ser Pro Gln Tyr Gln Glu Gly Gln Ser Thr

290 295 300

Gln Tyr Gln Ser Gly Gln Ser Trp Asp Gln Ser Phe Asn Gly Leu Glu

305 310 315 320

Glu Asn Phe Cys Ser Leu Glu Ala Arg Gln Asn Ile Glu Asn Pro Lys

325 330 335

Arg Ala Asp Thr Tyr Asn Pro Arg Ala Gly Arg Ile Thr His Leu Asn

340 345 350

Ser Lys Asn Phe Pro Thr Leu Asn Leu Val Gln Met Ser Ala Thr Arg

355 360 365

Val Asn Leu Tyr Gln Asn Ala Ile Leu Ser Pro Tyr Trp Asn Ile Asn

370 375 380

Ala His Ser Val Met His Met Ile Gln Gly Arg Ala Arg Val Gln Val

385 390 395 400

Val Asn Asn His Gly Gln Thr Val Phe Asn Asp Ile Leu Arg Arg Gly

405 410 415

Gln Leu Leu Ile Ile Pro Gln His Tyr Val Val Leu Lys Lys Ala Glu

420 425 430

Arg Glu Gly Cys Gln Tyr Ile Ser Phe Lys Thr Thr Pro Asn Ser Met

435 440 445

Val Ser Tyr Ile Ala Gly Lys Thr Ser Ile Leu Arg Ala Leu Pro Val

450 455 460

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

465 470 475 480

Leu Lys Asn Asn Arg Gly Glu Glu Phe Gly Ala Phe Thr Pro Lys Phe

485 490 495
 Ala Gln Thr Gly Ser Gln Ser Tyr Gln Asp Glu Gly Glu Ser Ser Ser

 500 505 510
 Thr Glu Lys Ala Ser Glu
 515
 <210> 530
 <211> 498
 <212> PRT
 <213> Oryza sativa
 <400> 530
 Met Ala Ser Thr Asn Arg Pro Ile Val Phe Phe Thr Val Cys Leu Phe
 1 5 10 15
 Leu Leu Cys Asp Gly Ser Leu Ala Gln Gln Leu Leu Gly Gln Ser Thr
 20 25 30
 Ser Gln Trp Gln Ser Ser Arg Arg Gly Ser Pro Arg Gly Cys Arg Phe

 35 40 45
 Asp Arg Leu Gln Ala Phe Glu Pro Ile Arg Ser Val Arg Ser Gln Ala
 50 55 60
 Gly Thr Thr Glu Phe Phe Asp Val Ser Asn Glu Leu Phe Gln Cys Thr
 65 70 75 80
 Gly Val Ser Val Val Arg Arg Val Ile Glu Pro Arg Gly Leu Leu Leu
 85 90 95
 Pro His Tyr Thr Asn Gly Ala Ser Leu Val Tyr Ile Ile Gln Gly Arg

 100 105 110
 Gly Ile Thr Gly Pro Thr Phe Pro Gly Cys Pro Glu Thr Tyr Gln Gln
 115 120 125
 Gln Phe Gln Gln Ser Gly Gln Ala Gly Leu Thr Glu Ser Gln Ser Gln
 130 135 140
 Ser His Lys Phe Lys Asp Glu His Gln Lys Ile His Arg Phe Arg Gln
 145 150 155 160
 Gly Asp Val Ile Ala Leu Pro Ala Gly Val Ala His Trp Cys Tyr Asn

165	170	175	
Asp Cys Glu Val Pro Val Val Ala Ile Tyr Val Thr Asp Ile Asn Asn			
180	185	190	
Gly Ala Asn Gln Leu Asp Pro Arg Gln Arg Asp Phe Leu Leu Ala Gly			
195	200	205	
Asn Lys Arg Asn Pro Gln Ala Tyr Arg Arg Glu Val Glu Glu Trp Ser			
210	215	220	
Gln Asn Ile Phe Ser Gly Phe Ser Thr Glu Leu Leu Ser Glu Ala Phe			
225	230	235	240
Gly Ile Ser Asn Gln Val Ala Arg Gln Leu Gln Cys Gln Asn Asp Gln			
245	250	255	
Lys Gly Glu Ile Val Arg Val Glu Arg Gly Leu Ser Leu Leu Gln Pro			
260	265	270	
Tyr Ala Ser Leu Gln Glu Gln Glu Gln Gly Gln Met Gln Ser Arg Glu			
275	280	285	
His Tyr Gln Glu Gly Gly Tyr Gln Gln Ser Gln Tyr Gly Ser Gly Cys			
290	295	300	
Pro Asn Gly Leu Asp Glu Thr Phe Cys Val Asn Lys Val Arg Gln Asn			
305	310	315	320
Ile Asp Asn Pro Asn Arg Ala Asp Thr Tyr Asn Pro Arg Ala Gly Arg			
325	330	335	
Val Thr Asn Leu Ser Gln Asn Phe Pro Ile Leu Asn Leu Val Gln Met			
340	345	350	
Ser Ala Val Lys Val Asn Leu Tyr Gln Asn Thr Asp Thr Trp Ile Ser			
355	360	365	
Met Gly Gln Glu Glu Asn Ala Leu Leu Ser Pro Phe Trp Asn Ile Asn			
370	375	380	
Ala His Ser Ile Val Tyr Ile Thr Gln Gly Arg Ala Gln Val Gln Val			
385	390	395	400
Leu Arg Arg Gly Gln Leu Leu Ile Val Pro Gln His Tyr Val Val Val			
405	410	415	

Lys Lys Ala Gln Arg Glu Gly Cys Ala Tyr Ile Ala Phe Lys Thr Asn

420 425 430
Pro Asn Ser Met Val Ser His Ile Ala Gly Lys Ser Ser Ile Phe Arg

435 440 445
Ala Leu Pro Thr Asp Val Leu Ala Asn Ala Tyr Arg Ile Ser Arg Glu

450 455 460
Glu Ala Gln Arg Leu Lys His Asn Arg Gly Asp Glu Phe Gly Ala Phe

465 470 475 480
Thr Pro Leu Gln Tyr Lys Ser Tyr Gln Asp Val Tyr Asn Val Ala Glu

485 490 495
Ser Ser

<210> 531

<211> 491

<212> PRT

<213> Oryza brachyantha

<400> 531

Met Lys Ser Ser Ile Val Phe Ser Thr Ile Cys Leu Val Leu Leu Cys
1 5 10 15

His Gly Ser Leu Ala Gln Leu Leu Ser Gln Ser Thr Ser Gln Trp Gln
20 25 30

Ser Ser Arg Arg Gly Ser Pro Arg Gln Cys Arg Phe Asp Gln Leu Gln
35 40 45

Ala Phe Glu Pro Ile Arg Thr Val Arg Ser Gln Ala Gly Val Thr Glu
50 55 60

Phe Tyr Asp Val Ser Asn Glu Leu Phe Gln Cys Thr Gly Val Ser Val
65 70 75 80

Val Arg Arg Val Ile Glu Pro Arg Gly Leu Leu Leu Pro His Tyr Ser
85 90 95

Asn Gly Ala Thr Leu Val Tyr Ile Ile Gln Gly Arg Gly Ile Thr Gly
100 105 110

Pro Thr Phe Pro Gly Cys Pro Glu Thr Tyr Gln Gln Gln Phe Gln Gln
115 120 125

Ser Gly Glu Ala Gln Pro Phe Glu Gly Gln Ser His Lys Phe Arg Asp
130 135 140

Glu His Gln Lys Ile His Arg Phe Arg Gln Gly Asp Val Val Ala Leu
145 150 155 160

Pro Ala Gly Val Ala His Trp Cys Tyr Asn Asp Gly Glu Val Pro Ile
165 170 175

Val Ala Ile Tyr Val Thr Asp Ile Tyr Asn Ser Ala Asn Gln Leu Asp
180 185 190

Pro Arg His Arg Asp Phe Phe Leu Ala Gly Asn Asn Lys Val Ala Gln
195 200 205

Gln Leu Tyr Arg Ser Glu Ala Arg Glu Asn Ser Lys Asn Ile Phe Gly
210 215 220

Gly Phe Ser Val Glu Leu Leu Ser Glu Ala Leu Gly Ile Ser Arg Gly
225 230 235 240

Val Ala Arg Gln Leu Gln Cys Gln Asn Asp Gln Arg Gly Glu Ile Val
245 250 255

Arg Val Glu His Gly Leu Ala Leu Leu Gln Pro Tyr Ala Ser Val Gln
260 265 270

Glu Gln Gln Gln Glu Gln Val Gln Ser Arg Asp Tyr Glu Gln Thr Gln
275 280 285

Tyr Gln Gln Lys Gln Pro Gln Gly Ser Cys Ser Asn Gly Leu Asp Glu
290 295 300

Thr Phe Cys Thr Met Arg Leu Arg Gln Asn Ile Asp Asn Pro Asn Leu
305 310 315 320

Ala Asp Thr Tyr Asn Pro Lys Ala Gly Arg Ile Thr Tyr Leu Asn Gly
325 330 335

Gln Lys Phe Pro Ile Leu Asn Leu Val Gln Met Ser Ala Val Lys Val
340 345 350

Asn Leu Tyr Gln Asn Ala Val Leu Ser Pro Phe Trp Asn Ile Asn Ala

355 360 365
 His Ser Val Val Tyr Ile Thr Gln Gly Arg Ala Arg Val Gln Val Val
 370 375 380
 Asn Asn Asn Gly Lys Thr Val Phe Asp Gly Glu Leu Arg Gln Gly Gln
 385 390 395 400
 Leu Leu Ile Ile Pro Gln His His Val Val Leu Lys Lys Ala Gln Arg
 405 410 415
 Glu Gly Cys Ser Tyr Ile Ala Leu Lys Thr Asn Pro Asn Ser Ile Val
 420 425 430

 Ser His Ile Ala Gly Lys Asn Ser Ile Phe Arg Ala Leu Pro Gly Asp
 435 440 445
 Val Val Thr Asn Ala Tyr Arg Ile Ser Arg Glu Glu Ala Lys Arg Ile
 450 455 460
 Lys His Asn Arg Gly Asp Glu Ser Gly Val Phe Ala Pro Ser His Ala
 465 470 475 480
 Tyr Arg Ser Tyr Gln Asp Met Ser Val Ala Ala
 485 490

 <210> 532
 <211> 492

 <212> PRT
 <213> Brachypodium distachyon
 <400> 532
 Met Ala His Thr Ser Phe Ser Ser Phe Leu Ser Tyr Phe Cys Leu Phe
 1 5 10 15
 Leu Leu Phe His Gly Ser Met Ala Gln Val Leu Gly Gln Val Ser Thr
 20 25 30
 Trp Gln Ser Ser Arg Gln Gly Gly Ser Arg Asp Cys Ser Phe Asp Arg
 35 40 45
 Leu Gln Ala Ile Glu Pro Val Thr Gln Val Arg Ser Gln Ala Gly Leu

 50 55 60
 Thr Glu Tyr Phe Asp Glu Gln Asn Glu Gln Phe Arg Cys Ala Gly Val

65					70					75					80		
Phe	Val	Ile	Arg	Arg	Val	Ile	Glu	Pro	Arg	Gly	Leu	Leu	Leu	Pro	Arg		
				85					90					95			
Tyr	His	Asn	Thr	Pro	Gly	Leu	Val	Tyr	Ile	Leu	Gln	Gly	Asn	Gly	Phe		
				100					105					110			
Val	Gly	Leu	Thr	Phe	Pro	Gly	Cys	Pro	Glu	Thr	Phe	Arg	Glu	Gln	Phe		
				115					120					125			
Gln	Gln	Phe	Arg	Gln	Thr	Gln	Ser	Thr	Leu	Gly	Gln	Ser	Gln	Cys	Gln		
				130					135					140			
Ser	Gln	Lys	Leu	Gly	Asp	Val	His	Gln	Arg	Val	His	Gln	Phe	Thr	Gln		
				145					150					155			160
Gly	Asp	Val	Val	Ala	Leu	Pro	Thr	Gly	Val	Ala	His	Trp	Ile	Tyr	Asn		
				165					170					175			
Gly	Gly	Asp	Ala	Pro	Val	Val	Ile	Val	Tyr	Val	Phe	Asp	Val	Asn	Asn		
				180					185					190			
Asn	Ala	Asn	Gln	Leu	Glu	Pro	Arg	Gln	Lys	Glu	Phe	Leu	Leu	Gly	Gly		
				195					200					205			
Asn	Tyr	Asn	Gly	Val	Leu	Gln	Tyr	Gly	Gln	Asn	Ile	Phe	Ser	Gly	Phe		
				210					215					220			
Asn	Ala	Gln	Leu	Leu	Ser	Gln	Ala	Phe	Gly	Ile	Asn	Glu	Gln	Thr	Ser		
				225					230					235			240
Gln	Arg	Ile	Gln	Asn	Gln	Asn	Asp	Gly	Arg	Gly	Asp	Ile	Ile	Arg	Val		
				245					250					255			
Asp	Asn	Gly	Leu	Gln	Phe	Leu	Lys	Pro	Val	Val	Thr	Gln	Gln	Gln	Pro		
				260					265					270			
Glu	Gln	Pro	Phe	Met	Pro	Ile	Gln	His	Gln	Thr	Gly	Gln	Ser	Ser	Arg		
				275					280					285			
Asn	Gly	Leu	Glu	Glu	Asn	Phe	Cys	Ser	Leu	Glu	Pro	Arg	Gln	Asn	Ile		
				290					295					300			
Glu	Asp	Pro	Asn	Arg	Ala	Asp	Thr	Tyr	Asn	Pro	Arg	Ala	Gly	Ser	Ile		
				305					310					315			320

Thr Arg Leu Asn Gly Gln Asn Phe Pro Ile Leu Asn Leu Val Gln Met
325 330 335
Ser Ala Thr Arg Val Asn Leu Gln Lys Asn Ala Ile Leu Ser Pro Phe
340 345 350
Trp Asn Ile Asn Ala His Ser Val Val Tyr Val Ile Gln Gly His Ala
355 360 365
Leu Val Gln Val Val Asn Asn Gln Gly His Asn Val Phe Asn Gly Leu
370 375 380
Leu His Arg Gly Gln Leu Leu Ile Ile Pro Gln Asn Tyr Val Val Leu
385 390 395 400
Lys Lys Ala Glu Ser Glu Gly Tyr Gln Tyr Ile Ala Phe Lys Thr Asn
405 410 415
Ala Asn Ser Met Val Ser His Ile Ala Gly Lys Asn Ser Ile Leu Arg
420 425 430
Ala Leu Pro Val Asp Val Ile Ala Asn Ala Tyr Arg Ile Ser Arg Gln
435 440 445
Glu Ala Gln Asn Leu Lys Asn Asn Arg Gly Glu Glu Thr Gly Val Leu
450 455 460
Thr Pro Asn Phe Ser Gln Ser Thr Cys Gln Ser Tyr Gln Thr Glu Asp
465 470 475 480
Val Gln Ser Leu Arg Pro Met Ser His Trp Ser Glu
485 490
<210> 533
<211> 166
<212> PRT
<213> Oryza sativa
<220><221> misc_feature
<222> (120)..(120)
<223> Xaa can be any naturally occurring amino acid
<400> 533
Met Ala Ser Asn Lys Val Val Phe Ser Ala Leu Leu Leu Ile Ile Val
1 5 10 15

Ser Val Leu Ala Ala Thr Ala Thr Met Ala Asp His His Lys Asp Gln
20 25 30

Val Val Tyr Ser Leu Gly Glu Arg Cys Gln Pro Gly Met Gly Tyr Pro
35 40 45

Met Tyr Ser Leu Pro Arg Cys Arg Ala Val Val Lys Arg Gln Cys Val

50 55 60

Gly His Gly Ala Pro Gly Gly Ala Val Asp Glu Gln Leu Arg Gln Asp
65 70 75 80

Cys Cys Arg Gln Leu Ala Ala Val Asp Asp Ser Trp Cys Arg Cys Ser
85 90 95

Ala Leu Asn His Met Val Gly Gly Ile Tyr Arg Glu Leu Gly Ala Thr
100 105 110

Asp Val Gly His Pro Met Ala Xaa Val Phe Pro Gly Cys Arg Arg Gly

115 120 125

Asp Leu Glu Arg Ala Ala Ala Ser Leu Pro Ala Phe Cys Asn Val Asp
130 135 140

Ile Pro Asn Gly Thr Gly Gly Val Cys Tyr Trp Leu Gly Tyr Pro Arg
145 150 155 160

Thr Pro Arg Thr Gly His

165

<210> 534

<211> 165

<212> PRT

<213> *Oryza sativa*

<400> 534

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

1 5 10 15

Ser Val Leu Arg Arg Asp Gly Thr Met Ala Asp His His Lys Asp Gln
20 25 30

Val Val Tyr Ser Leu Gly Glu Arg Cys Gln Pro Gly Met Gly Tyr Pro
35 40 45

Met Tyr Ser Leu Pro Arg Cys Arg Ala Val Val Lys Arg Gln Cys Val

50 55 60
 Gly His Gly Ala Pro Gly Ala Val Asp Glu Gln Leu Arg Gln Asp Cys

 65 70 75 80
 Cys Arg Gln Leu Ala Ala Val Asp Asp Ser Trp Cys Arg Cys Ser Ala
 85 90 95
 Leu Asn His Met Val Gly Gly Ile Tyr Arg Glu Leu Gly Ala Thr Asp
 100 105 110
 Val Gly His Pro Met Ala Glu Val Phe Pro Gly Cys Arg Arg Gly Asp
 115 120 125
 Leu Glu Arg Ala Ala Ala Ser Leu Pro Ala Phe Cys Asn Val Asp Ile

 130 135 140
 Pro Asn Gly Thr Gly Gly Val Cys Tyr Trp Leu Gly Tyr Pro Arg Thr
 145 150 155 160
 Pro Arg Thr Gly His
 165
 <210> 535
 <211> 157
 <212> PRT
 <213> Oryza sativa
 <400> 535
 Met Ala Ser Asn Lys Val Val Ile Ser Ala Leu Leu Val Val Val Val
 1 5 10 15
 Ser Val Leu Ala Ala Thr Thr Thr Met Ala Asp His His Gln Glu Gln

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

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

145 150 155

<210> 536

<211> 605

<212> PRT

<213> Oryza rufipogon

<400> 536

Met Ser Ala Leu Thr Thr Ser Gln Leu Ala Thr Ser Ala Thr Gly Phe
1 5 10 15
Gly Ile Ala Asp Arg Ser Ala Pro Ser Ser Leu Leu Arg His Gly Phe
20 25 30
Gln Gly Leu Lys Pro Arg Ser Pro Ala Gly Gly Asp Ala Thr Ser Leu
35 40 45

Ser Val Thr Thr Ser Ala Arg Ala Thr Pro Lys Gln Gln Arg Ser Val
50 55 60

Gln Arg Gly Ser Arg Arg Phe Pro Ser Val Val Val Tyr Ala Thr Gly
65 70 75 80

Ala Gly Met Asn Val Val Phe Val Gly Ala Glu Met Ala Pro Trp Ser
85 90 95

Lys Thr Gly Gly Leu Gly Asp Val Leu Gly Gly Leu Pro Pro Ala Met
100 105 110

Ala Ala Asn Gly His Arg Val Met Val Ile Ser Pro Arg Tyr Asp Gln
115 120 125

Tyr Lys Asp Ala Trp Asp Thr Ser Val Val Ala Glu Ile Lys Val Ala
130 135 140

Asp Arg Tyr Glu Arg Val Arg Phe Phe His Cys Tyr Lys Arg Gly Val
 145 150 155 160
 Asp Arg Val Phe Val Asp His Pro Ser Phe Leu Glu Lys Val Trp Gly
 165 170 175

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

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

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

Asp Ala Thr Thr Ala Ile Glu Ala Lys Ala Leu Asn Lys Glu Ala Leu
 370 375 380
 Gln Ala Glu Ala Gly Leu Pro Val Asp Arg Lys Ile Pro Leu Ile Ala

385 390 395 400
 Phe Ile Gly Arg Leu Glu Glu Gln Lys Gly Pro Asp Val Met Ala Ala
 405 410 415
 Ala Ile Pro Glu Leu Met Gln Glu Asp Val Gln Ile Val Leu Leu Gly
 420 425 430

 Thr Gly Lys Lys Lys Phe Glu Lys Leu Leu Lys Ser Met Glu Glu Lys
 435 440 445
 Tyr Pro Gly Lys Val Arg Ala Val Val Lys Phe Asn Ala Pro Leu Ala
 450 455 460
 His Leu Ile Met Ala Gly Ala Asp Val Leu Ala Val Pro Ser Arg Phe
 465 470 475 480
 Glu Pro Cys Gly Leu Ile Gln Leu Gln Gly Met Arg Tyr Gly Thr Pro
 485 490 495

 Cys Ala Cys Ala Ser Thr Gly Gly Leu Val Asp Thr Val Ile Glu Gly
 500 505 510
 Lys Thr Gly Phe His Met Gly Arg Leu Ser Val Asp Cys Lys Val Val
 515 520 525
 Glu Pro Ser Asp Val Lys Lys Val Ala Ala Thr Leu Lys Arg Ala Ile
 530 535 540
 Lys Val Val Gly Thr Pro Ala Tyr Glu Glu Met Val Arg Asn Cys Met
 545 550 555 560

 Asn Gln Asp Leu Ser Trp Lys Gly Pro Ala Lys Asn Trp Glu Asn Val
 565 570 575
 Leu Leu Gly Leu Gly Val Ala Gly Ser Ala Pro Gly Ile Glu Gly Asp
 580 585 590
 Glu Ile Ala Pro Leu Ala Lys Glu Asn Val Ala Ala Pro
 595 600 605

 <210> 537
 <211> 609
 <212> PRT
 <213> Oryza nivarra
 <400> 537

Met Ser Ala Leu Thr Thr Ser Gln Leu Ala Thr Ser Ala Thr Gly Phe

1 5 10 15

Gly Ile Ala Asp Arg Ser Ala Pro Ser Ser Leu Leu Arg His Gly Phe

20 25 30

Gln Gly Leu Lys Pro Arg Ser Pro Ala Gly Gly Asp Ala Ser Ser Leu

35 40 45

Ser Val Thr Thr Ser Ala Arg Ala Thr Pro Lys Gln Gln Arg Ser Val

50 55 60

Gln Arg Gly Ser Arg Arg Phe Pro Ser Val Val Val Tyr Ala Thr Gly

65 70 75 80

Ala Gly Met Asn Val Val Phe Val Gly Ala Glu Met Ala Pro Trp Ser

85 90 95

Lys Thr Gly Gly Leu Gly Asp Val Leu Gly Gly Leu Pro Pro Ala Met

100 105 110

Ala Ala Asn Gly His Arg Val Met Val Ile Ser Pro Arg His Asp Gln

115 120 125

Tyr Lys Asp Ala Trp Asp Thr Ser Val Val Ala Glu Ile Lys Val Ala

130 135 140

Asp Arg Tyr Glu Arg Val Arg Phe Phe His Cys Tyr Lys Arg Gly Val

145 150 155 160

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

165 170 175

Lys Thr Gly Glu Lys Ile Tyr Gly Pro Asp Thr Gly Val Asp Tyr Lys

180 185 190

Asp Asn Gln Met Arg Phe Ser Leu Leu Cys Gln Ala Ala Leu Glu Ala

195 200 205

Pro Arg Ile Leu Asn Leu Asn Asn Asn Pro Tyr Phe Lys Gly Thr Tyr

210 215 220

Gly Glu Asp Val Val Phe Val Cys Asn Asp Trp His Thr Gly Pro Leu

225 230 235 240

Pro Ser Tyr Leu Lys Asn Asn Tyr Gln Pro Asn Gly Ile Tyr Arg Asn

245 250 255
Ala Lys Val Ala Phe Cys Ile His Asn Ile Ser Tyr Gln Gly Arg Phe

260 265 270
Ala Phe Glu Asp Tyr Pro Glu Leu Asn Leu Ser Glu Arg Phe Arg Ser

275 280 285
Ser Phe Asp Phe Ile Asp Gly Tyr Asp Thr Pro Val Glu Gly Arg Lys

290 295 300
Ile Asn Trp Met Lys Ala Gly Ile Leu Glu Ser Asp Arg Val Leu Thr

305 310 315 320
Val Ser Pro Tyr Tyr Ala Glu Glu Leu Ile Ser Gly Ile Ala Arg Gly

325 330 335
Cys Glu Leu Asp Asn Ile Met Arg Leu Thr Gly Ile Thr Gly Ile Val

340 345 350
Asn Gly Met Asp Val Ser Glu Trp Asp Pro Ser Lys Asp Lys Tyr Ile

355 360 365
Ala Ala Lys Tyr Asp Ala Thr Thr Ala Ile Glu Ala Lys Ala Leu Asn

370 375 380
Lys Glu Ala Leu Gln Ala Glu Ala Gly Leu Pro Val Asp Arg Lys Ile

385 390 395 400
Pro Leu Ile Ala Phe Ile Gly Arg Leu Glu Glu Gln Lys Gly Pro Asp

405 410 415
Val Met Ala Ala Ala Ile Pro Glu Leu Met Gln Glu Asn Val Gln Ile

420 425 430
Val Leu Leu Gly Thr Gly Lys Lys Lys Phe Glu Lys Leu Leu Lys Ser

435 440 445
Met Glu Glu Lys Tyr Pro Gly Lys Val Arg Ala Val Val Lys Phe Asn

450 455 460
Ala Pro Leu Ala His Leu Ile Met Ala Gly Ala Asp Val Leu Ala Val

465 470 475 480
Pro Ser Arg Phe Glu Pro Cys Gly Leu Ile Gln Leu Gln Gly Met Arg

485 490 495

Tyr Gly Thr Pro Cys Ala Cys Ala Ser Thr Gly Gly Leu Val Asp Thr
 500 505 510
 Val Ile Glu Gly Lys Thr Gly Phe His Met Gly Arg Leu Ser Val Asp
 515 520 525
 Cys Lys Val Val Glu Pro Ser Asp Val Gln Lys Val Ala Thr Thr Leu
 530 535 540
 Lys Arg Ala Ile Lys Ile Val Gly Thr Pro Ala Tyr Asn Glu Met Val
 545 550 555 560
 Arg Asn Cys Met Asn Gln Asp Leu Ser Trp Lys Gly Pro Ala Lys Asn
 565 570 575
 Trp Glu Asn Val Leu Leu Gly Leu Gly Val Ala Gly Ser Ala Pro Gly
 580 585 590
 Val Glu Gly Glu Glu Ile Ala Pro Leu Ala Lys Glu Asn Val Ala Ala
 595 600 605
 Pro
 <210> 538
 <211> 603
 <212> PRT
 <213> Hordeum vulgare
 <400> 538
 Met Ala Ala Leu Ala Thr Ser Gln Leu Ala Thr Ser Gly Thr Val Leu
 1 5 10 15
 Gly Val Thr Asp Arg Phe Arg Arg Pro Gly Phe Gln Gly Leu Arg Pro
 20 25 30
 Arg Asn Pro Ala Asp Ala Ala Leu Gly Met Arg Thr Ile Gly Ala Ser
 35 40 45
 Ala Ala Pro Lys Gln Ser Arg Lys Ala His Arg Gly Ser Arg Arg Cys
 50 55 60
 Leu Ser Val Val Val Arg Ala Thr Gly Ser Gly Met Asn Leu Val Phe
 65 70 75 80
 Val Gly Ala Glu Met Ala Pro Trp Ser Lys Thr Gly Gly Leu Gly Asp

85

90

95

Val Leu Gly Gly Leu Pro Pro Ala Met Ala Ala Asn Gly His Arg Val

100

105

110

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

115

120

125

Ser Val Ile Ser Glu Ile Lys Val Ala Asp Glu Tyr Glu Arg Val Arg

130

135

140

Phe Phe His Cys Tyr Lys Arg Gly Val Asp Arg Val Phe Ile Asp His

145

150

155

160

Pro Trp Phe Leu Glu Lys Val Arg Gly Lys Thr Lys Glu Lys Ile Tyr

165

170

175

Gly Pro Asp Ala Gly Thr Asp Tyr Glu Asp Asn Gln Gln Arg Phe Ser

180

185

190

Leu Leu Cys Gln Ala Ala Leu Glu Ala Pro Arg Ile Leu Asn Leu Asn

195

200

205

Asn Asn Pro Tyr Phe Ser Gly Pro Tyr Gly Glu Asp Val Val Phe Val

210

215

220

Cys Asn Asp Trp His Thr Gly Leu Leu Ala Cys Tyr Leu Lys Ser Asn

225

230

235

240

Tyr Gln Ser Asn Gly Ile Tyr Arg Thr Ala Lys Val Ala Phe Cys Ile

245

250

255

His Asn Ile Ser Tyr Gln Gly Arg Phe Ser Phe Asp Asp Phe Ala Gln

260

265

270

Leu Asn Leu Pro Asp Arg Phe Lys Ser Ser Phe Asp Phe Ile Asp Gly

275

280

285

Tyr Asp Lys Pro Val Glu Gly Arg Lys Ile Asn Trp Met Lys Ala Gly

290

295

300

Ile Leu Gln Ala Asp Lys Val Leu Thr Val Ser Pro Tyr Tyr Ala Glu

305

310

315

320

Glu Leu Ile Ser Asp Glu Ala Arg Gly Cys Glu Leu Asp Asn Ile Met

325

330

335

Arg Leu Thr Gly Ile Thr Gly Ile Val Asn Gly Met Asp Val Ser Glu
340 345 350

Trp Asp Pro Thr Lys Asp Lys Phe Leu Ala Val Asn Tyr Asp Ile Thr
355 360 365

Thr Ala Leu Glu Ala Lys Ala Leu Asn Lys Glu Ala Leu Gln Ala Glu
370 375 380

Val Gly Leu Pro Val Asp Arg Lys Val Pro Leu Val Ala Phe Ile Gly
385 390 395 400

Arg Leu Glu Glu Gln Lys Gly Pro Asp Val Met Ile Ala Ala Ile Pro
405 410 415

Glu Ile Leu Lys Glu Glu Asp Val Gln Ile Ile Leu Leu Gly Thr Gly
420 425 430

Lys Lys Lys Phe Glu Lys Leu Leu Lys Ser Met Glu Glu Lys Phe Pro
435 440 445

Gly Lys Val Arg Ala Val Val Arg Phe Asn Ala Pro Leu Ala His Gln
450 455 460

Met Met Ala Gly Ala Asp Leu Leu Ala Val Thr Ser Arg Phe Glu Pro
465 470 475 480

Cys Gly Leu Ile Gln Leu Gln Gly Met Arg Tyr Gly Thr Pro Cys Val
485 490 495

Cys Ala Ser Thr Gly Gly Leu Val Asp Thr Ile Val Glu Gly Lys Thr
500 505 510

Gly Phe His Met Gly Arg Leu Ser Val Asp Cys Asn Val Val Glu Pro
515 520 525

Ala Asp Val Lys Lys Val Ala Thr Thr Leu Lys Arg Ala Val Lys Val
530 535 540

Val Gly Thr Pro Ala Tyr Gln Glu Met Val Lys Asn Cys Met Ile Gln
545 550 555 560

Asp Leu Ser Trp Lys Gly Pro Ala Lys Asn Trp Glu Asp Val Leu Leu
565 570 575

Glu Leu Gly Val Glu Gly Ser Glu Pro Gly Ile Val Gly Glu Glu Ile

580 585 590
 Ala Pro Leu Ala Met Glu Asn Val Ala Ala Pro
 595 600
 <210> 539
 <211> 495

 <212> PRT
 <213> Oryza brachyantha
 <400> 539
 Met Ala Thr Thr Val Phe Ser Arg Phe Ser Thr Tyr Phe Cys Val Leu
 1 5 10 15
 Leu Leu Cys His Gly Ser Met Ala Gln Leu Phe Asn Pro Ser Thr Asn
 20 25 30
 Pro Trp His Asn Pro Arg Gln Gly Ser Ser Arg Glu Cys Arg Phe Asp
 35 40 45
 Arg Leu Gln Pro Phe Glu Pro Leu Arg Lys Val Arg Ser Glu Ala Gly

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

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

180	185	190	
Glu Pro Arg Gln Arg Glu Phe Leu Leu Gly Gly Asn Asn Met Arg Ala			
195	200	205	
Gln Gln Val Tyr Gly Ser Ser Ala Glu Gln His Ser Arg Gln Asn Ile			
210	215	220	
Phe Ser Gly Phe Gly Val Glu Ile Leu Ser Glu Ala Leu Gly Ile Ser			
225	230	235	240
Thr Val Thr Thr Lys Arg Leu Gln Ser Gln Asn Asp Gln Arg Gly Glu			
245	250	255	
Ile Ile His Val Lys Asn Gly Leu Gln Phe Leu Lys Pro Thr Leu Thr			
260	265	270	
Gln Gln Gln Glu Gln Ala Gln Ala Gln Tyr Gln Glu Val Gln Tyr Ser			
275	280	285	
Glu Gln Gln Gln Thr Ser Ser Arg Trp Asn Gly Leu Asp Glu Asn Phe			
290	295	300	
Cys Thr Ile Lys Ala Arg Met Asn Ile Glu Asn Thr Ser Arg Ala Asp			
305	310	315	320
Thr Tyr Asn Pro Arg Ala Gly Arg Thr Thr Ser Leu Asn Ser Gln Lys			
325	330	335	
Phe Pro Ile Leu Asn Leu Val Gln Met Ser Ala Thr Arg Val Asn Leu			
340	345	350	
Tyr Gln Asn Ala Ile Leu Ser Thr Phe Trp Asn Val Asn Ala His Ser			
355	360	365	
Leu Val Tyr Thr Ile Gln Gly Arg Ala Arg Val Gln Val Val Ser Asn			
370	375	380	
Phe Gly Lys Thr Val Phe Asp Gly Glu Leu Arg Pro Gly Gln Leu Leu			
385	390	395	400
Ile Ile Pro Gln His Tyr Val Val Leu Lys Lys Ala Gln Arg Glu Gly			
405	410	415	
Phe Arg Tyr Ile Ala Ile Lys Thr Asn Ala Asn Ala Phe Val Ser Gln			
420	425	430	

Leu Val Gly Lys Asn Ser Val Phe Arg Ser Leu Pro Val Asp Val Ile

435 440 445
Ala Asn Val Tyr Arg Ile Ser Arg Glu Gln Ala Arg Ser Leu Lys Asn

450 455 460
Asn Arg Gly Glu Glu His Gly Ala Phe Ala Pro Arg Ser Gln Gln Gln

465 470 475 480
Ser Tyr Pro Gly Phe Ser Asn Gln Ser Glu Ser Glu Thr Ser Glu

485 490 495

<210> 540

<211> 494

<212> PRT

<213> Oryza brachyantha

<400> 540

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

1 5 10 15

Leu Leu Cys His Gly Ser Met Ala Gln Leu Phe Ser Pro Thr Leu Asn

20 25 30

Pro Trp His Ser Ser Arg Arg Gly Gly Ser Arg Asp Cys Arg Phe Asp

35 40 45

Arg Leu Gln Ala Phe Glu Pro Leu Arg Arg Val Arg Ser Glu Ala Gly

50 55 60

Val Thr Glu Tyr Phe Asp Glu Arg Asn Glu Gln Phe Gln Cys Thr Gly

65 70 75 80

Thr Phe Val Ile Arg Arg Val Ile Glu Pro Gln Gly Leu Leu Val Pro

85 90 95

Arg Tyr Thr Asn Thr Pro Gly Val Val Tyr Ile Met Gln Gly Arg Gly

100 105 110

Ser Met Gly Leu Thr Phe Pro Gly Cys Pro Ala Thr Tyr Gln Gln Gln

115 120 125

Phe Gln Gln Phe Leu Pro Glu Gly Gln Ser Gln Ser Gln Lys Phe Arg

130 135 140

Asp Glu His Gln Lys Ile His Gln Phe Arg Gln Gly Asp Ile Val Ala
 145 150 155 160
 Leu Pro Ala Gly Val Ala His Trp Phe Tyr Asn Glu Gly Asp Thr Pro
 165 170 175
 Val Val Ala Leu Tyr Val Phe Asp Ile Asn Asn Ser Ala Asn Gln Leu
 180 185 190

 Glu Pro Arg Gln Lys Asp Phe Leu Leu Ala Gly Asn Asn Asn Arg Glu
 195 200 205
 Gln Gln Val Tyr Gly Arg Ser Ile Glu Lys His Ser Gly Gln Asn Ile
 210 215 220
 Phe Ser Gly Phe Asn His Glu Leu Leu Ser Glu Ala Leu Gly Ile Ser
 225 230 235 240
 Thr Leu Ala Ala Lys Arg Leu Gln Gly Gln Asn Asp His Arg Gly Glu
 245 250 255

 Ile Ile Arg Val Arg Asn Gly Leu Gln Leu Leu Lys Pro Thr Phe Thr
 260 265 270
 Gln Gln Gln Glu Gln Ala Gln Ser Gln Tyr Gln Val Gln Tyr Ser Glu
 275 280 285
 Lys Gln Gln Glu Ser Thr Arg Cys Asn Gly Leu Asp Glu Asn Phe Cys
 290 295 300
 Thr Ile Asn Ala Arg Leu Asn Ile Glu Asn Pro Ser Arg Ala Asp Thr
 305 310 315 320

 Tyr Asn Pro Arg Ala Gly Arg Ile Thr His Leu Asn Asn Gln Lys Phe
 325 330 335
 Pro Ile Leu Asn Leu Val Gln Met Ser Ala Thr Arg Val Asn Leu Tyr
 340 345 350
 Gln Asn Ala Ile Leu Ser Pro Tyr Trp Asn Val Asn Ala His Ser Leu
 355 360 365
 Val Tyr Met Val Gln Gly His Ala Arg Val Gln Val Val Ser Asn Leu
 370 375 380

 Gly Lys Thr Val Phe Asn Ser Val Leu Arg Pro Gly Gln Leu Leu Ile

385 390 395 400
 Ile Pro Gln His Tyr Val Val Leu Lys Lys Ala Glu Arg Glu Gly Cys
 405 410 415
 Gln Tyr Ile Ala Phe Lys Thr Asn Ala Asn Ser Ile Val Ser Gln Leu
 420 425 430
 Ala Gly Lys Asn Ser Ile Leu Arg Ala Met Pro Val Asp Val Val Ala
 435 440 445

Asn Ala Tyr Arg Ile Ser Arg Glu Gln Ala Arg Asp Leu Lys Asn Asn
 450 455 460
 Arg Gly Glu Glu Leu Gly Ala Phe Thr Pro Lys Phe Glu Gln Gln Ser
 465 470 475 480
 Tyr Pro Gly Leu Ser Asn Glu Ser Glu Ser Glu Ala Ser Glu
 485 490

<210> 541

<211> 500

<212> PRT

<213> *Zizania latifolia*

<400> 541

Met Asn Met Ala Thr Ile Asn Gly Pro Thr Ile Phe Phe Thr Val Cys

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

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

Arg Gly Ile Thr Gly Gln Thr Phe Pro Gly Cys Pro Glu Ser Tyr Gln
 115 120 125
 Gln Gln Phe Gln Gln Ser Met Gln Ala Gln Leu Thr Gly Ser Gln Ser
 130 135 140
 Gln Ser Gln Lys Phe Lys Asp Glu His Gln Lys Ile Asn Arg Phe Arg
 145 150 155 160
 Gln Gly Asp Val Ile Ala Leu Pro Ala Gly Val Ala His Trp Cys Tyr
 165 170 175
 Asn Asp Gly Glu Val Pro Val Val Ala Ile Tyr Val Ile Asp Ile Asn
 180 185 190
 Asn Ala Ala Asn Gln Leu Asp Pro Arg Gln Arg Asp Phe Leu Leu Ala
 195 200 205
 Gly Asn Met Arg Ser Pro Gln Ala Tyr Arg Arg Glu Val Glu Asn Gln
 210 215 220
 Ser Gln Asn Ile Phe Ser Gly Phe Ser Ala Glu Leu Leu Ser Glu Ala
 225 230 235 240
 Leu Gly Ile Ser Thr Gly Val Ala Arg Gln Leu Gln Cys Gln Asn Asp
 245 250 255
 Gln Arg Gly Glu Ile Val Arg Val Glu His Gly Leu Ser Leu Leu Gln
 260 265 270
 Pro Tyr Ala Ser Leu Gln Glu Gln Glu Gln Lys Gln Glu Gln Pro Arg
 275 280 285
 Glu Arg Tyr Gln Val Thr Gln His Gln Gln Ser Gln Tyr Gly Gly Gly
 290 295 300
 Cys Ser Asn Gly Leu Asp Glu Thr Phe Cys Ala Met Arg Ile Trp Gln
 305 310 315 320
 Asn Ile Asp Asn Pro Asn Leu Ala Asp Thr Tyr Asn Pro Arg Ala Gly
 325 330 335
 Arg Val Thr Asn Leu Asn Ser Gln Lys Phe Pro Ile Leu Asn Leu Ile
 340 345 350
 Gln Met Ser Ala Val Lys Val Asn Leu Tyr Gln Asn Ala Leu Leu Ser

355 360 365
Pro Phe Trp Asn Ile Asn Ser His Ser Val Val Tyr Val Thr Gln Gly

370 375 380
Cys Ala Arg Val Gln Val Val Asn Asn Asn Gly Lys Thr Val Phe Asn

385 390 395 400
Gly Glu Leu Arg Arg Gly Gln Leu Leu Ile Ile Pro Gln His Tyr Val

405 410 415
Val Val Lys Lys Ala Gln Arg Glu Gly Cys Ala Tyr Ile Ala Phe Lys

420 425 430
Thr Asn Pro Asn Ser Met Val Ser His Ile Val Gly Lys Ser Ser Ile

435 440 445
Phe Arg Ala Leu Pro Thr Asp Val Leu Ala Asn Ala Tyr Arg Ile Ser

450 455 460
Arg Glu Asp Ala Gln Arg Leu Lys His Asn Arg Gly Asp Glu Leu Gly

465 470 475 480
Ala Phe Thr Pro Leu Gln Tyr Lys Ser Tyr Gln Asp Val Ser Ser Val

485 490 495
Ala Ala Ser Ser

500

<210> 542

<211> 197

<212> PRT

<213> Zea mays

<400> 542

Met Ala Lys Ile Ala Ala Ala Ala Ala Ala Ala Ala Ala Leu Cys Phe
1 5 10 15

Ala Ala Leu Val Ala Val Ala Val Cys Gln Gly Glu Val Glu Arg Gln
20 25 30

Arg Leu Arg Asp Leu Gln Cys Trp Gln Glu Val Gln Glu Ser Pro Leu
35 40 45

Asp Ala Cys Arg Gln Val Leu Asp Arg Gln Leu Thr Gly Gly Gly Val
50 55 60

Gly Gly Pro Phe Arg Trp Gly Thr Gly Leu Arg Met Arg Cys Cys Gln
65 70 75 80

Gln Leu Gln Asp Val Ser Arg Glu Cys Arg Cys Ala Ala Ile Arg Ser
85 90 95

Met Val Arg Gly Tyr Glu Glu Ala Met Pro Pro Leu Glu Lys Gly Trp
100 105 110

Trp Pro Trp Gly Arg Gln Gln Gln Pro Pro Pro Gln Gly Gly Gly Gly
115 120 125

Gly Gln Gly Gly Tyr Tyr Tyr Pro Cys Ser Arg Ala Gly Glu Gly Tyr
130 135 140

Gln Thr Gln Met Tyr Pro Pro Cys Arg Pro Gly Thr Thr Gly Pro Arg
145 150 155 160

Ile Gly Arg Val Arg Leu Thr Lys Ala Arg Glu Tyr Ala Ala Gly Leu
165 170 175

Pro Met Met Cys Arg Leu Ser Glu Pro Gln Glu Cys Ser Ile Phe Ser
180 185 190

Gly Gly Asp Gln Tyr
195

<210> 543

<211> 192

<212> PRT

<213> Sorghum bicolor

<400> 543

Met Ala Lys Ile Ala Ala Val Ala Ala Thr Ala Ala Leu Cys Leu Ala
1 5 10 15

Ala Leu Val Ala Val Ala Val Gly Gln Gly Val Val Glu Arg Gln Arg
20 25 30

Leu Lys Asp Leu Gln Cys Trp Gln Glu Val Gln Glu Asn Pro Leu Gly
35 40 45

Ala Cys Arg Gln Val Leu Asp Arg Gln Leu Thr Gly Gly Met Arg Tyr
50 55 60

Gly Ile Gly Pro Phe Arg Trp Gly Thr Gly Leu Arg Met Arg Cys Cys
65 70 75 80
Gln Gln Leu Gln Asp Val Ser Arg Glu Cys Arg Cys Ala Ala Ile Arg
85 90 95
Ser Met Val Arg Gly Tyr Glu Glu Thr Met Pro Pro Leu Glu Lys Gly
100 105 110
Trp Trp Gly Gln Gln Pro Gln Pro Gly Tyr Asp Tyr Pro Cys Ser Gln
115 120 125

Ala Gly Glu Gly Tyr Gly Tyr Gly Glu Ser Gly Gln Gln Gln Met Tyr
130 135 140
Pro Pro Cys Arg Pro Gly Thr Gly Gln Lys Ile Ala Arg Val Lys Leu
145 150 155 160
Thr Lys Ala Arg Gln Tyr Ala Ala Gly Met Pro Met Met Cys Arg Leu
165 170 175
Ser Glu Pro Gln Glu Cys Ser Val Phe Ser Gly Gly Asp Gln Tyr Tyr
180 185 190

<210> 544

<211> 177

<212> PRT

<213> *Setaria italica*

<400> 544

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

Gly Val Gly Pro Phe Arg Trp Gly Thr Gly Leu Arg Met Arg Cys Cys
65 70 75 80
Gln Gln Leu Gln Asp Val Ser Arg Glu Cys Arg Cys Ser Ala Val Arg

85 90 95
 Arg Met Val Arg Gly Tyr Glu Glu Ala Met Pro Pro Leu Glu Glu Gly
 100 105 110
 Pro Tyr Gly Tyr Gly Gly Glu Gln Gly Glu Gly Tyr Tyr Gly Gly Gly
 115 120 125
 Glu Gly Gly Glu Gly Tyr Leu Pro Phe Pro Pro Arg Arg Ile Gly Arg
 130 135 140
 Val Arg Leu Thr Lys Ala Arg Gln Tyr Ala Ala Gly Leu Pro Met Met
 145 150 155 160
 Cys Arg Leu Glu Pro Gln Glu Cys Ser Val Phe Ser Gly Asp Gln Tyr
 165 170 175

Lys

<210> 545

<211> 336

<212> PRT

<213> Staphylococcus aureus

<400> 545

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

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

Thr Leu Leu Thr Asn Lys His Val Val Asp Ala Thr His Gly Asp Pro

115

120

125

His Ala Leu Lys Ala Phe Pro Ser Ala Ile Asn Gln Asp Asn Tyr Pro

130

135

140

Asn Gly Gly Phe Thr Ala Glu Gln Ile Thr Lys Tyr Ser Gly Glu Gly

145

150

155

160

Asp Leu Ala Ile Val Lys Phe Ser Pro Asn Glu Gln Asn Lys His Ile

165

170

175

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

180

185

190

Val Asn Gln Asn Ile Thr Val Thr Gly Tyr Pro Gly Asp Lys Pro Val

195

200

205

Ala Thr Met Trp Glu Ser Lys Gly Lys Ile Thr Tyr Leu Lys Gly Glu

210

215

220

Ala Met Gln Tyr Asp Leu Ser Thr Thr Gly Gly Asn Ser Gly Ser Pro

225

230

235

240

Val Phe Asn Glu Lys Asn Glu Val Ile Gly Ile His Trp Gly Gly Val

245

250

255

Pro Asn Glu Phe Asn Gly Ala Val Phe Ile Asn Glu Asn Val Arg Asn

260

265

270

Phe Leu Lys Gln Asn Ile Glu Asp Ile His Phe Ala Asn Asp Asp Gln

275

280

285

Pro Asn Asn Pro Asp Asn Pro Asp Asn Pro Asn Asn Pro Asp Asn Pro

290

295

300

Asn Asn Pro Asp Glu Pro Asn Asn Pro Asp Asn Pro Asn Asn Pro Asp

305

310

315

320

Asn Pro Asp Asn Gly Asp Asn Asn Asn Ser Asp Asn Pro Asp Ala Ala

325

330

335

<210> 546

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 546

Ser Arg Ala Ile Val Ile Val Thr Val Asn Glu

1 5 10

<210> 547

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 547

Ala Lys Leu Thr Pro Gly Asp Val

1 5

<210> 548

<211>

> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 548

Ile Val Ile Val Thr Val Asn Glu Gly Lys

1 5 10

<210> 549

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 549

Leu Asp Ala Leu Glu Pro Asp Asn Arg Ile Glu Ser Glu Gly Gly Leu

1 5 10 15

<210> 550

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 550

Arg Pro Tyr Tyr Ser Asn Ala Pro Gln Glu

1 5 10

<210> 551

<211> 25

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 551

Leu Asp Ala Leu Glu Pro Asp Asn Arg Ile Glu Ser Glu Gly Gly Leu

1 5 10 15

Ile Glu Thr Trp Asn Pro Asn Asn Lys

20 25

<210> 552

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 552

Ala Ile Val Ile Val Thr Val Asn Glu Gly Lys

1 5 10

<210> 553

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 553

Leu Gln Val Val Asn Cys Asn Gly Asn Thr Val Phe Asp Gly Glu Leu

1 5 10 15

<210> 554

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 554

Gln Val Val Asn Cys Asn Gly Asn Thr Val Phe Asp Gly Glu Leu

1 5 10 15

<210> 555

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> peptide

<400> 555

Ile Ile Ala Val Pro Thr Gly Ile Val Phe

1 5 10

<210> 556

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 556

Gly Arg Arg Tyr Arg Asp Arg His Gln Lys Val Asn Arg Phe Arg Glu

1 5 10 15

<210> 557

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 557

Arg Pro Tyr Tyr Ser Asn Ala Pro Gln Glu Ile

1 5 10

<210> 558

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 558

Arg Leu Asp Ala Leu Glu Pro Asp Asn Arg Ile Glu

1 5 10

<210> 559

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 559

Arg Leu Asp Ala Leu Glu Pro Asp Asn Arg Ile Glu Ser Glu

1 5 10

<210> 560

<211> 20

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400>

> 560

Leu Asp Ala Leu Glu Pro Asp Asn Arg Ile Glu Ser Glu Gly Gly Leu

1 5 10 15

Ile Glu Thr Trp

20

<210> 561

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 561

Leu Asp Ala Leu Glu Pro Asp Asn Arg Ile Glu

1 5 10

<210> 562

<211> 18

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 562

Leu Asp Ala Leu Glu Pro Asp Asn Arg Ile Glu Ser Glu Gly Gly Leu

1 5 10 15

Ile Glu

<210> 563

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 563

Leu Asp Ala Leu Glu Pro Asp Asn Arg Ile Glu Ser Glu Gly Gly Leu

1 5 10 15

<210> 564

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 564

Arg Pro Tyr Tyr Ser Asn Ala Pro Gln Glu

1 5 10

<210>

> 565

<211> 25

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 565

Leu Asp Ala Leu Glu Pro Asp Asn Arg Ile Glu Ser Glu Gly Gly Leu

1 5 10 15

Ile Glu Thr Trp Asn Pro Asn Asn Lys

20 25

<210> 566

<211> 27

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 566

Val Glu His Gly Leu Ser Leu Leu Gln Pro Tyr Ala Ser Leu Gln Glu

1 5 10 15

Gln Glu Gln Gly Gln Val Gln Ser Arg Glu Arg

20 25

<210> 567

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 567

Arg Ser Gln Asn Ile Phe Ser Gly Phe

1 5

<210> 568

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 568

Gly Ile Thr Gly Pro Thr Phe Pro Gly Cys Pro Glu Ser Tyr

1 5 10

<210> 569

<211> 4

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 569

Cys Asn Gly Ser

1

<210> 570

<211> 5
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> PEPTIDE
 <400> 570

Ser Pro Arg Glu Cys

1 5

<210> 571

<211> 4

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 571

Pro Arg Glu Cys

1

<210> 572

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 572

Pro Arg Glu Cys Arg

1 5

<210> 573

<211> 4

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 573

Cys Pro Glu Ser

1

<210> 574

<211> 4

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 574

Ser Gly Cys Ser

1

<210> 575

<211> 4

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 575

Cys Ser Asn Gly

1

<210> 576

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223>

> PEPTIDE

<400> 576

Arg Ser Gln Asn Ile Phe Ser Gly Phe Ser Thr Glu

1 5 10

<210> 577

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 577

Val Glu Glu Trp Ser Gln Asn Ile Phe Ser Gly Phe Ser Thr

1 5 10

<210> 578

<211> 13

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 578

Trp Ser Gln Asn Ile Phe Ser Gly Phe Ser Thr Glu Leu

1 5 10

<210> 579

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 579

Trp Ser Gln Asn Ile Phe Ser Gly Phe Ser Thr Glu

1 5 10

<210> 580

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 580

Ser Thr Ser Gln Trp Gln Ser Ser Arg Arg

1 5 10

<210> 581

<211> 4

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 581

Asn Arg Pro Ile

1

<210> 582

<211> 4

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 582

Cys Asp Gly Ser

1

<210> 583

<211> 4

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 583

Pro Arg Gly Cys

1

<210> 584

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 584

Pro Arg Gly Cys Arg

1 5

<210> 585

<211> 4

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400>

> 585

Arg Gly Cys Arg

1

<210> 586

<211> 4

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 586

Gly Cys Arg Phe

1

<210> 587

<211> 4

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 587

Pro Thr Phe Pro

1

<210> 588

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 588

Pro Gly Cys Pro Glu

1 5

<210> 589

<211> 4

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 589

Gly Cys Pro Glu

1

<210> 590

<211> 4

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 590

Cys Pro Glu Thr

1

<210> 591

<211> 4

<212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> PEPTIDE
 <400> 591
 Ala His Trp Cys
 1
 <210> 592
 <211> 4
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> PEPTIDE
 <400> 592
 His Trp Cys Tyr
 1
 <210> 593
 <211> 4
 <212>
 > PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> PEPTIDE
 <400> 593
 Ser Gly Cys Pro
 1
 <210> 594
 <211> 5
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> PEPTIDE
 <400> 594
 Ser Gly Cys Pro Asn
 1 5
 <210> 595
 <211> 4
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 595

Gly Cys Pro Asn

1

<210> 596

<211> 4

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 596

Cys Pro Asn Gly

1

<210> 597

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 597

Thr Phe Cys Thr Met

1 5

<210> 598

<211> 4

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 598

Phe Cys Thr Met

1

<210> 599

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 599

Phe Cys Thr Met Arg

1 5

<210> 600

<211> 4

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 600

Cys Thr Met Arg

1

<210> 601

<211> 4

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 601

Glu Gly Cys Ala

1

<210> 602

<211> 13

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 602

Ser Gln Asn Ile Phe Ser Gly Phe Ser Thr Glu Leu Leu

1 5 10

<210> 603

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400>

> 603

Ser Gln Asn Ile Phe Ser Gly Phe Ser Thr Glu

1 5 10

<210> 604

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 604

Gln Asn Asp Gln Arg Gly Glu Ile Val Arg

1 5 10

<210> 605

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 605

Ser Gln Asn Ile Phe Ser Gly Phe Ser Thr Glu Leu

1 5 10

<210> 606

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 606

Gln Leu Gln Cys Gln Asn Asp Gln Arg Gly Glu Ile

1 5 10

<210> 607

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 607

Leu Gly Gln Ser Thr Ser Gln Trp Gln Ser Ser Arg

1 5 10

<210> 608

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 608

Gln Gln Leu Leu Gly Gln Ser Thr Ser Gln Trp Gln Ser Ser Arg

1 5 10 15

<210> 609

<211> 13

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 609

Leu Leu Gly Gln Ser Thr Ser Gln Trp Gln Ser Ser Arg

1 5 10

<210> 610

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 610

Asn Asp Gln Arg Gly Glu Ile Val Arg

1 5

<210> 611

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 611

Gly Gln Ser Thr Ser Gln Trp Gln Ser Ser Arg

1 5 10

<210> 612

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 612

Ser Thr Ser Gln Trp Gln Ser Ser Arg

1 5

<210> 613

<211> 13

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 613

Gly Ile Thr Gly Pro Thr Phe Pro Gly Cys Pro Glu Thr

1 5 10

<210> 614

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 614

Gly Ile Thr Gly Pro Thr Phe Pro Gly Cys Pro Glu Thr Tyr

1 5 10

<210> 615

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 615

Ser Gln Asn Ile Phe Ser Gly Phe Ser Thr Glu Leu

1 5 10

<210> 616

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400>

> 616

Gln Leu Gln Cys Gln Asn Asp Gln Arg Gly Glu Ile

1 5 10

<210> 617

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 617

Leu Gly Gln Ser Thr Ser Gln Trp Gln Ser Ser Arg

1 5 10

<210> 618

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 618

Gln Gln Leu Leu Gly Gln Ser Thr Ser Gln Trp Gln Ser Ser Arg

1 5 10 15

<210> 619

<211> 13

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 619

Leu Leu Gly Gln Ser Thr Ser Gln Trp Gln Ser Ser Arg

1 5 10

<210> 620

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 620

Ile Phe Phe Ala Asn Gln Thr Tyr Leu

1 5

<210> 621

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 621

Glu His Leu Glu Pro Asn Leu Glu Gly Leu Thr Val Glu Glu

1 5 10

<210> 622

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 622

Ile Phe Phe Ala Asn Gln Thr Tyr Leu Pro Ser Glu Thr Pro Ala Pro

1 5 10 15

Leu Val His Tyr Arg Glu Glu Glu Leu Asn Asn Leu Arg Gly Asp Gly

20 25 30

Thr Gly Glu Arg

35

<210> 623

<211> 18

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 623

Ile His Phe Glu Trp Asp Asp Asp Met Gly Ile Pro Gly Ala Phe Tyr

1 5 10 15

Ile Lys

<210> 624

<211> 29

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 624

Ile Phe Phe Ala Asn Gln Thr Tyr Leu Pro Ser Glu Thr Pro Ala Pro

1 5 10 15

Leu Val His Tyr Arg Glu Glu Glu Leu Asn Asn Leu Arg

20 25

<210> 625

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 625

Thr Glu Gln Ala Leu Pro Ala Asp Leu Ile Lys

1 5 10

<210> 626

<211> 20

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 626

Glu His Leu Glu Pro Asn Leu Glu Gly Leu Thr Val Glu Glu Ala Ile

1 5 10 15

Gln Asn Lys Lys

20

<210> 627

<211> 23

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 627

Ile Ser Lys Glu His Leu Glu Pro Asn Leu Glu Gly Leu Thr Val Glu

1 5 10 15

Glu Ala Ile Gln Asn Lys Lys

20

<210> 628

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 628

Leu Ser Leu Pro His Pro Gln Gly Asp Glu His Gly Ala Val Ser Tyr

1 5 10 15

<210> 629

<211> 22

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 629

Ile Ser Lys Glu His Leu Glu Pro Asn Leu Glu Gly Leu Thr Val Glu

1 5 10 15

Glu Ala Ile Gln Asn Lys

20

<210> 630

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 630

Glu His Leu Glu Pro Asn Leu Glu Gly Leu Thr Val Glu Glu Ala Ile

1 5 10 15

Gln Asn Lys

<210> 631

<211> 18

<212

> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 631

Leu Ser Thr Thr Gly Gly Asn Ser Gly Ser Pro Val Phe Asn Glu Lys

1 5 10 15

Asn Glu

<210> 632

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 632

Gln Ser Phe Leu Leu Ser Gly Asn Gln Asn Gln Gln Asn Tyr Leu Ser

1 5 10 15

Gly

<210> 633

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 633

Val Leu Asp Leu Ala Ile Pro Val Asn Arg Pro Gly Gln Leu Gln Ser

1 5 10 15

<210> 634

<211> 18

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 634

Val Leu Asp Leu Ala Ile Pro Val Asn Arg Pro Gly Gln Leu Gln Ser

1 5 10 15

Phe Leu

<210> 635

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 635

Phe Leu Leu Ser Gly Asn Gln Asn Gln Gln Asn Tyr Leu Ser Gly

1 5 10 15

<210> 636

<211> 18

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 636

Phe Leu Leu Ser Gly Asn Gln Asn Gln Gln Asn Tyr Leu Ser Gly Phe

1 5 10 15

Ser Lys

<210> 637

<211> 18

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 637

Asp Pro Gln Asn Pro Phe Ile Phe Lys Ser Asn Lys Phe Gln Thr Leu

1 5 10 15

Phe Glu

<210> 638

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 638

Glu Leu Ala Phe Pro Gly Ser Ala Gln Glu Val Asp Arg Ile Leu Glu

1 5 10 15

Asn Gln Lys

<210> 639

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 639

Ala Ile Val Ile Val Thr Val Asn Glu Gly Lys

1 5 10

<210> 640

<211> 18

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 640

Ile Asn Ala Val Ala Ala Lys Arg Leu Gln Ser Gln Asn Asp Gln Arg

1 5 10 15

Gly Glu

<210> 641

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 641

Asn Arg Ala Gln Gln Gln Gln Val Tyr Gly Ser Ser Ile Glu

1 5 10

<210> 642

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 642

Pro Ser Thr Asn Pro Trp His Ser Pro Arg

1 5 10

<210> 643

<211> 4

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 643

Cys His Gly Ser

1

<210> 644

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 644

Cys His Gly Ser Met

1 5

<210> 645

<211> 4

<212> PRT

<213>

Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 645

Pro Trp His Ser

1

<210> 646
 <211> 4
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> PEPTIDE
 <400> 646
 Phe Arg Glu Cys
 1
 <210> 647
 <211> 4
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> PEPTIDE
 <400> 647
 Arg Glu Cys Arg
 1
 <210> 648
 <211> 4
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> PEPTIDE
 <400> 648
 Glu Cys Arg Phe
 1
 <210>
 > 649
 <211> 4
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> PEPTIDE
 <400> 649
 Cys Arg Phe Asp
 1
 <210> 650
 <211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 650

Cys Arg Phe Asp Arg

1 5

<210> 651

<211> 4

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 651

Cys Thr Gly Thr

1

<210> 652

<211> 4

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 652

Phe Pro Gly Cys

1

<210> 653

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 653

Phe Pro Gly Cys Pro

1 5

<210> 654

<211> 4

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 654

Pro Gly Cys Pro

1

<210> 655

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 655

Pro Gly Cys Pro Ala

1 5

<210> 656

<211> 6

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 656

Pro Gly Cys Pro Ala Thr

1 5

<210> 657

<211> 4

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 657

Gly Cys Pro Ala

1

<210> 658

<211> 4

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 658

Cys Pro Ala Thr

1

<210> 659

<211> 4

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 659

Glu Asn Phe Cys

1

<210> 660

<211> 4

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 660

Asn Phe Cys Thr

1

<210> 661

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 661

Asn Phe Cys Thr Ile

1 5

<210> 662

<211> 4

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 662

Phe Cys Thr Ile

1

<210> 663

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 663

Ala Gln Gln Gln Gln Val Tyr Gly Ser Ser Ile Glu Gln His

1 5 10

<210> 664

<211> 23

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 664

Ala Gln Gln Gln Gln Val Tyr Gly Ser Ser Ile Glu Gln His Ser Gly

1 5 10 15

Gln Asn Ile Phe Ser Gly Phe

20

<210> 665

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 665

Ala Ala Lys Arg Leu Gln Ser Gln Asn Asp Gln Arg Gly Glu

1 5 10

<210> 666

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 666

Gln Ala Arg Ser Leu Lys Asn Asn Arg Gly Glu Glu

1 5 10

<210> 667

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 667

Phe Asn Pro Ser Thr Asn Pro Trp His Ser Pro Arg Gln Gly Ser

1 5 10 15

<210> 668

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 668

Gln Ala Arg Ser Leu Lys Asn Asn Arg Gly Glu Glu

1 5 10

<210> 669

<211> 26

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 669

Ala Ala Ala Ser Leu Pro Ala Phe Cys Asn Val Asp Ile Pro Asn Gly

1 5 10 15

Gly Gly Gly Val Cys Tyr Trp Leu Ala Arg

20 25

<210> 670

<211>

> 18

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 670

Val Ala Gly Ser Ala Pro Gly Ile Glu Gly Asp Glu Ile Ala Pro Leu

1 5 10 15

Ala Lys

<210> 671

<211> 22

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 671

Leu Gly Val Ala Gly Ser Ala Pro Gly Ile Glu Gly Asp Glu Ile Ala

1 5 10 15

Pro Leu Ala Lys Glu Asn

20

<210> 672

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 672

Gly Ser Ala Pro Gly Ile Glu Gly Asp Glu Ile Ala Pro Leu Ala Lys

1 5 10 15

Glu

<210> 673

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 673

Val Ala Gly Ser Ala Pro Gly Ile Glu Gly Asp Glu Ile Ala Pro

1 5 10 15

<210> 674

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 674

Gly Val Ala Gly Ser Ala Pro Gly Ile Glu Gly Asp Glu Ile Ala Pro

1 5 10 15

Leu Ala Lys

<210> 675

<211> 21

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 675

Gly Val Ala Gly Ser Ala Pro Gly Ile Glu Gly Asp Glu Ile Ala Pro

1 5 10 15

Leu Ala Lys Glu Asn

20

<210> 676

<211> 20

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 676

Val Ala Gly Ser Ala Pro Gly Ile Glu Gly Asp Glu Ile Ala Pro Leu

1 5 10 15

Ala Lys Glu Asn

20

<210> 677

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 677

Ser Ala Pro Gly Ile Glu Gly Asp Glu Ile Ala Pro Leu Ala Lys

1 5 10 15

<210> 678

<211> 16

<212>

> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 678

Gly Ser Ala Pro Gly Ile Glu Gly Asp Glu Ile Ala Pro Leu Ala Lys

1 5 10 15

<210> 679

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 679

Ser Ala Pro Gly Ile Glu Gly Asp Glu Ile Ala Pro Leu Ala Lys Glu

1 5 10 15

Asn

<210> 680

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 680

Phe Asn Pro Ser Thr Asn Pro Trp His Ser Pro Arg Gln Gly Ser

1 5 10 15

<210> 681

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 681

Val Asp Leu Val Ile Pro Val Asn Gly Pro Gly Lys

1 5 10

<210> 682

<211> 13

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 682

Leu Val Asp Leu Val Ile Pro Val Asn Gly Pro Gly Lys

1 5 10

<210> 683

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 683

Ile Lys Leu Pro Ala Gly Thr Thr Ser Tyr

1 5 10

<210> 684

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 684

Ile Lys Leu Pro Ala Gly Thr Thr Ser Tyr Leu

1 5 10

<210> 685

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223>

> PEPTIDE

<400> 685

Arg Arg Asn Pro Phe Leu Phe Lys Ser Asn Lys Phe

1 5 10

<210> 686

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 686

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

1 5 10 15

Ile Asn Arg

<210> 687

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 687

Arg Arg Asn Pro Phe Leu Phe Lys Ser Asn Lys Phe Leu Thr

1 5 10

<210> 688

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 688

Ala Lys Pro His Thr Ile Phe Leu Pro Gln His Ile Asp Ala

1 5 10

<210> 689

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 689

Ala Lys Pro His Thr Ile Phe Leu Pro Gln His Ile Asp Ala Asp

1 5 10 15

<210> 690

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 690

Lys Gln Lys Tyr Arg Tyr Gln Arg Glu

1 5

<210> 691

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 691

Lys Gln Lys Tyr Gln Tyr Gln Arg Glu

1 5

<210> 692

<211> 4

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 692

Met Leu Pro His

1

<210> 693

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 693

Arg Arg Asn Pro Phe Leu Phe Lys Ser Asn Lys Phe Leu Thr Leu Phe
 1 5 10 15
 Glu Asn Glu

<210> 694
 <211> 14
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> PEPTIDE
 <400> 694

Pro Phe Leu Phe Lys Ser Asn Lys Phe Leu Thr Leu Phe Glu
 1 5 10

<210> 695
 <211> 20
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <

><220><223> PEPTIDE
 <400> 695

Ser Gln Glu Arg Arg Asn Pro Phe Leu Phe Lys Ser Asn Lys Phe Leu
 1 5 10 15
 Thr Leu Phe Glu
 20

<210> 696
 <211> 17
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> PEPTIDE
 <400> 696

Arg Arg Asn Pro Phe Leu Phe Lys Ser Asn Lys Phe Leu Thr Leu Phe
 1 5 10 15
 Glu

<210> 697
 <211> 22

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 697

Ser Gln Glu Arg Arg Asn Pro Phe Leu Phe Lys Ser Asn Lys Phe Leu

1 5 10 15

Thr Leu Phe Glu Asn Glu

20

<210> 698

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 698

Leu Thr Phe Pro Gly Ser Val Gln Glu

1 5

<210> 699

<211> 13

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 699

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

1 5 10

<210> 700

<211> 18

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 700

Lys Asn Pro Gln Leu Gln Asp Leu Asp Ile Phe Val Asn Tyr Val Glu

1 5 10 15

Ile Lys

<210> 701

<211> 24

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 701

Pro Gly Gln Leu Gln Ser Phe Leu Leu Ser Gly Asn Gln Asn Gln Gln

1 5 10 15

Asn Tyr Leu Ser Gly Phe Ser Lys

20

<210> 702

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 702

Arg Gly Pro Gln Gln Tyr Ala Glu Trp Gln Ile Asn Glu Lys

1 5 10

<210> 703

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 703

Val Leu Asp Leu Ala Ile Pro Val Asn Arg Pro Gly Gln Leu

1 5 10

<210> 704

<211> 24

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 704

Gly Tyr Val Gly Leu Thr Phe Pro Gly Cys Pro Ala Thr His Gln Gln
1 5 10 15
Gln Phe Gln Leu Phe Glu Gln Arg
20
<210> 705
<211> 820
<212> PRT
<213> *Oryza sativa*
<400> 705
Met Leu Cys Leu Thr Ser Ser Ser Ser Ser Ala Pro Ala Pro Leu Leu
1 5 10 15
Pro Ser Leu Ala Asp Arg Pro Ser Pro Gly Ile Ala Gly Gly Gly Gly
20 25 30
Asn Val Arg Leu Ser Val Val Ser Ser Pro Arg Arg Ser Trp Pro Gly
35 40 45
Lys Val Lys Thr Asn Phe Ser Val Pro Ala Thr Ala Arg Lys Asn Lys
50 55 60
Thr Met Val Thr Val Val Glu Glu Val Asp His Leu Pro Ile Tyr Asp
65 70 75 80
Leu Asp Pro Lys Leu Glu Glu Phe Lys Asp His Phe Asn Tyr Arg Ile
85 90 95
Lys Arg Tyr Leu Asp Gln Lys Cys Leu Ile Glu Lys His Glu Gly Gly
100 105 110
Leu Glu Glu Phe Ser Lys Gly Tyr Leu Lys Phe Gly Ile Asn Thr Val
115 120 125
Asp Gly Ala Thr Ile Tyr Arg Glu Trp Ala Pro Ala Ala Gln Glu Ala
130 135 140
Gln Leu Ile Gly Glu Phe Asn Asn Trp Asn Gly Ala Lys His Lys Met
145 150 155 160
Glu Lys Asp Lys Phe Gly Ile Trp Ser Ile Lys Ile Ser His Val Asn
165 170 175
Gly Lys Pro Ala Ile Pro His Asn Ser Lys Val Lys Phe Arg Phe Arg

180 185 190
His Gly Gly Gly Ala Trp Val Asp Arg Ile Pro Ala Trp Ile Arg Tyr
195 200 205
Ala Thr Phe Asp Ala Ser Lys Phe Gly Ala Pro Tyr Asp Gly Val His

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

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

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

405 410 415
His His His Gly Ile Asn Lys Gly Phe Thr Gly Asn Tyr Lys Glu Tyr
420 425 430

Phe Ser Leu Asp Thr Asp Val Asp Ala Ile Val Tyr Met Met Leu Ala
 435 440 445
 Asn His Leu Met His Lys Leu Leu Pro Glu Ala Thr Ile Val Ala Glu
 450 455 460
 Asp Val Ser Gly Met Pro Val Leu Cys Arg Pro Val Asp Glu Gly Gly

 465 470 475 480
 Val Gly Phe Asp Phe Arg Leu Ala Met Ala Ile Pro Asp Arg Trp Ile
 485 490 495
 Asp Tyr Leu Lys Asn Lys Glu Asp Arg Lys Trp Ser Met Ser Glu Ile
 500 505 510
 Val Gln Thr Leu Thr Asn Arg Arg Tyr Thr Glu Lys Cys Ile Ala Tyr
 515 520 525
 Ala Glu Ser His Asp Gln Ser Ile Val Gly Asp Lys Thr Ile Ala Phe

 530 535 540
 Leu Leu Met Asp Lys Glu Met Tyr Thr Gly Met Ser Asp Leu Gln Pro
 545 550 555 560
 Ala Ser Pro Thr Ile Asn Arg Gly Ile Ala Leu Gln Lys Met Ile His
 565 570 575
 Phe Ile Thr Met Ala Leu Gly Gly Asp Gly Tyr Leu Asn Phe Met Gly
 580 585 590
 Asn Glu Phe Gly His Pro Glu Trp Ile Asp Phe Pro Arg Glu Gly Asn

 595 600 605
 Asn Trp Ser Tyr Asp Lys Cys Arg Arg Gln Trp Ser Leu Val Asp Thr
 610 615 620
 Asp His Leu Arg Tyr Lys Tyr Met Asn Ala Phe Asp Gln Ala Met Asn
 625 630 635 640
 Ala Leu Glu Glu Glu Phe Ser Phe Leu Ser Ser Ser Lys Gln Ile Val
 645 650 655
 Ser Asp Met Asn Glu Lys Asp Lys Val Ile Val Phe Glu Arg Gly Asp

 660 665 670
 Leu Val Phe Val Phe Asn Phe His Pro Asn Lys Thr Tyr Lys Gly Tyr

675 680 685
 Lys Val Gly Cys Asp Leu Pro Gly Lys Tyr Arg Val Ala Leu Asp Ser
 690 695 700
 Asp Ala Leu Val Phe Gly Gly His Gly Arg Val Gly His Asp Val Asp
 705 710 715 720
 His Phe Thr Ser Pro Glu Gly Met Pro Gly Val Pro Glu Thr Asn Phe

 725 730 735
 Asn Asn Arg Pro Asn Ser Phe Lys Val Leu Ser Pro Pro Arg Thr Cys
 740 745 750
 Val Ala Tyr Tyr Arg Val Asp Glu Asp Arg Glu Glu Leu Arg Arg Gly
 755 760 765
 Gly Ala Val Ala Ser Gly Lys Ile Val Thr Glu Tyr Ile Asp Val Glu
 770 775 780
 Ala Thr Ser Gly Glu Thr Ile Ser Gly Gly Trp Lys Gly Ser Glu Lys

 785 790 795 800
 Asp Asp Cys Gly Lys Lys Gly Met Lys Phe Val Phe Arg Ser Ser Asp
 805 810 815
 Glu Asp Cys Lys
 820
 <210> 706
 <211> 296
 <212> PRT
 <213> Oryza sativa
 <400> 706
 Met Asp Arg Tyr Gln Arg Val Glu Arg Pro Arg Pro Glu Ser Ala Ile
 1 5 10 15
 Glu Glu Asn Glu Ile Arg Ile Thr Ala Gln Gly Leu Ile Arg Asn Tyr
 20 25 30

 Val Ser Tyr Ala Thr Ser Leu Leu Gln Asp Arg Arg Ile Lys Glu Ile
 35 40 45
 Val Leu Lys Ala Met Gly Gln Ala Ile Ser Lys Ser Val Ala Val Ala
 50 55 60

Glu Ile Ile Lys Lys Arg Val Pro Gly Leu Tyr Gln Asp Thr Asn Ile

65 70 75 80

Ser Ser Val Ser Ile Thr Asp Val Trp Glu Pro Ile Glu Glu Gly Leu

85 90 95

Val Pro Leu Glu Met Thr Arg His Val Ser Met Ile Ser Ile Thr Leu

100 105 110

Ser Pro Arg Asp Leu Asp Lys Asn Ser Pro Gly Tyr Gln Thr Pro Val

115 120 125

Tyr Val Glu Gln Pro Arg Gln Gln Pro Arg Leu Gln Gln Ala Pro Pro

130 135 140

Pro Pro Gln Arg Gln Val Arg Gln Pro Pro Pro Asp Tyr Glu Asp Ser

145 150 155 160

Tyr Val Arg Gly Arg Gly Arg Gly Arg Gly Arg Gly Arg Gly Arg Gly

165 170 175

Trp Gly Arg Gly Gly Tyr Gly Gly Tyr Gly Gly Tyr Gly Asn Asn Gln

180 185 190

Gly Gly Tyr Asn Gln Gly Gly Gly Tyr Tyr Asp Asn Gln Gly Gly Tyr

195 200 205

Gly Gly Tyr Asp Asn Gln Gly Gly Tyr Gly Gly Tyr Asp Asn Gln Gly

210 215 220

Gly Tyr Gly Gly Gly Gly Tyr Gly Tyr Asn Gln Gly Arg Tyr Gly Asn

225 230 235 240

Tyr Gln Glu Asn Gly Gly Tyr Asn Arg Gly Arg Gly Gly Met Arg Gly

245 250 255

Arg Gly Asn Trp Asn Tyr Arg Gly Gly Tyr Glu Arg Gly Arg Gly Gly

260 265 270

Gly Phe Pro Gly Gly Arg Gly Tyr Gly Gly Arg Gly Arg Gly Arg Met

275 280 285

Gly Gly Arg Gly Gly Arg Gly Asn

290

<210> 707

<211> 184

<212> PRT

<213> *Oryza sativa*

<400> 707

Met Ala Leu Glu His Leu Gly Arg Arg Asn Val Ala Gly Ser Leu Leu

1 5 10 15

Leu Leu Asn Leu Leu Met Tyr Val Phe Leu Leu Gly Phe Ala Gly Trp

20 25 30

Ala Leu Asn Ser Ser Ile Lys Asn Ala Gly Ala Asp Val Gly Val Gly

35 40 45

Trp Gly Glu Gln Pro Trp Ser Pro Tyr Tyr Arg Gln Ser Ala Trp Phe

50 55 60

Ala Ser Arg Phe His Leu Ala Thr Phe Ala Ala Leu Ala Gly Ala Leu

65 70 75 80

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

85 90 95

Ala Ser Trp Arg Pro Gln Gly Leu Ala Ala Ala Ala Ser Leu Gly Thr

100 105 110

Ala Ala Trp Ala Ala Thr Ala Leu Ala Phe Gly Val Ala Cys Arg Glu

115 120 125

Ile His Asp Ala Ala Ala Ala Gly Pro Ala Gly Ala Ala Arg Gly Trp

130 135 140

Arg Met Arg Ala Leu Glu Gly Leu Thr Val Thr Leu Ala Phe Thr Gln

145 150 155 160

Leu Leu Tyr Val Leu Leu Leu His Ala Ala Val Ala Gly Glu Arg Cys

165 170 175

Gly Leu Ala Cys Ala Ala Asp Ala

180

<210> 708

<211> 483

<212> PRT

<213> *Pisum sativum*

<400> 708

Met Ala Ile Lys Thr Lys Leu Ser Leu Thr Ile Phe Leu Phe Phe Leu
1 5 10 15

Leu Ala Leu Leu Cys Ser Asn Leu Ala Val Gly Arg Lys Glu Lys Asp
20 25 30

Pro Glu Leu Thr Thr Cys Lys Asp Gln Cys Asp Met Gln Arg Gln Tyr
35 40 45

Asp Glu Glu Asp Lys Arg Ile Cys Met Glu Arg Cys Asp Asp Tyr Ile
50 55 60

Lys Lys Lys Gln Glu Arg Gln Lys His Lys Glu His Glu Glu Glu Glu
65 70 75 80

Glu Gln Glu Gln Glu Glu Asp Glu Asn Pro Tyr Val Phe Glu Asp Asn
85 90 95

Asp Phe Glu Thr Lys Ile Asp Thr Lys Asp Gly Arg Val Leu Ile Leu
100 105 110

Asn Lys Phe Asn Glu Lys Ser Lys Leu Leu Lys Asn Ile Glu Asn Tyr
115 120 125

Gly Leu Ala Val Leu Glu Ile Lys Ala Asn Ala Phe Leu Ser Pro His
130 135 140

His Tyr Asp Ser Glu Ala Ile Leu Phe Asn Ile Lys Gly Arg Gly Ile
145 150 155 160

Ile Gly Leu Val Ala Glu Asp Arg Thr Glu Arg Phe Asn Leu Glu Glu
165 170 175

Gly Asp Ile Met Arg Val Pro Ala Gly Thr Pro Met Tyr Leu Val Asn
180 185 190

Arg Asp Glu Asn Glu Lys Leu Tyr Ile Ala Ala Phe His Met Pro Pro
195 200 205

Ser Ser Gly Ser Ala Pro Val Asn Leu Glu Pro Phe Phe Glu Ser Ala
210 215 220

Gly Arg Lys Pro Glu Ser Val Leu Asn Thr Phe Ser Ser Lys Val Leu
225 230 235 240

Gln Ala Ala Leu Lys Ser Ser Lys Gly Glu Leu Glu Thr Val Leu Asp
245 250 255

Glu Gln Lys Lys Gly Arg Ile Phe Lys Ile Glu Lys Glu Asp Val Arg
260 265 270

Gly Leu Ala Pro Lys Lys Ser Leu Trp Pro Phe Gly Gly Pro Phe Lys
275 280 285

Ser Pro Phe Asn Ile Phe Ser Asn Asn Pro Ala Phe Ser Asn Lys Phe
290 295 300

Gly Ser Leu Phe Glu Val Gly Pro Ser Gln Glu Lys Ser Gly Leu Glu
305 310 315 320

Gly Leu Asn Leu Met Leu Thr Leu Ala Asn Ile Thr Lys Gly Ser Met
325 330 335

Ser Thr Ile His Tyr Asn Thr Asn Ala Asn Lys Ile Ala Leu Val Ile
340 345 350

Asp Gly Glu Gly Glu Leu Glu Met Ala Cys Pro His Met Pro Ser Ser
355 360 365

Ser Ser Asn Ser Arg Gln Lys Lys Ser Ser Ile Ser Tyr His Asn Ile
370 375 380

Asn Ala Lys Leu Arg Pro Gly Val Met Phe Val Val Pro Ala Gly His
385 390 395 400

Pro Phe Val Asn Ile Ala Ser Lys Lys Lys Asn Leu Ile Val Val Cys
405 410 415

Phe Glu Val Asn Ala Gln Arg Asn Lys Lys Leu Ala Leu Ala Gly Lys
420 425 430

Lys Asn Ile Val Ser Ala Leu Asp Lys Ala Ala Lys Glu Val Ala Phe
435 440 445

Asp Ile Ala Ala Glu Lys Val Asp Glu Val Phe Glu Arg Lys Glu Glu
450 455 460

Phe Phe Phe Pro Tyr Asp Asn Glu Glu Arg Lys Glu Glu His Gly Arg
465 470 475 480

Ala Val Val

<210> 709

<211> 197

<212> PRT

<213> Pisum sativum

<400> 709

Met Phe Arg Arg Ala Thr Ser Thr Phe Leu Ser Arg Ala Ser Ala Thr

1 5 10 15
Arg Arg Phe Ser Thr Asp Val Ala Thr Pro Ala Thr Asn Ser Ser Phe

20 25 30
Val Glu Ala Trp Arg Lys Val Ser Pro Asn Ile Asp Pro Pro Lys Thr

35 40 45
Pro Leu Glu Phe Leu Lys Thr Arg Pro Pro Val Pro Ser Thr Ile Pro

50 55 60
Thr Lys Leu Thr Val Asn Phe Val Leu Pro Tyr Ser Ser Gln Leu Ala

65 70 75 80
Ala Lys Glu Val Asp Ser Val Ile Ile Pro Ala Thr Thr Gly Glu Met

85 90 95
Gly Val Leu Pro Gly His Val Ala Thr Ile Ala Glu Leu Lys Pro Gly

100 105 110
Val Leu Thr Val Gln Glu Gly Thr Asp Thr Thr Lys Tyr Phe Val Ser

115 120 125
Ser Gly Phe Arg Phe Ile His Ala Asn Ser Val Ala Asp Ile Ile Ala

130 135 140
Val Glu Ala Val Pro Val Asn Gln Leu Asp Arg Asp Leu Val Gln Lys

145 150 155 160
Gly Leu Gln Glu Phe Thr Gln Lys Leu Asn Ser Ala Thr Thr Asp Leu

165 170 175
Glu Lys Arg Glu Ala Gln Ile Gly Ile Asp Val Asp Ser Ala Leu Asn

180 185 190
Ser Ala Leu Thr Gly

195

<210

> 710

<211> 156

<212> PRT

<213> *Oryza sativa*

<400> 710

Met Lys Ile Ile Phe Phe Phe Ala Leu Leu Ala Ile Ala Ala Cys Ser

1 5 10 15

Ala Ser Ala Gln Phe Asp Ala Val Thr Gln Val Tyr Arg Gln Tyr Gln

20 25 30

Leu Gln Pro His Leu Met Leu Gln Gln Gln Met Leu Ser Pro Cys Gly

35 40 45

Glu Phe Val Arg Gln Gln Cys Ser Thr Val Ala Thr Pro Phe Phe Gln

50 55 60

Ser Pro Val Phe Gln Leu Arg Asn Cys Gln Val Met Gln Gln Gln Cys

65 70 75 80

Cys Gln Gln Leu Arg Met Ile Ala Gln Gln Ser His Cys Gln Ala Ile

85 90 95

Ser Ser Val Gln Ala Ile Val Gln Gln Leu Arg Leu Gln Gln Phe Ala

100 105 110

Ser Val Tyr Phe Asp Gln Ser Gln Ala Gln Ala Gln Ala Met Leu Ala

115 120 125

Leu Asn Met Pro Ser Ile Cys Gly Ile Tyr Pro Ser Tyr Asn Thr Ala

130 135 140

Pro Cys Ser Ile Pro Thr Val Gly Gly Ile Trp Tyr

145 150 155

<210> 711

<211> 704

<212> PRT

<213> *Pisum sativum*

<400> 711

Met Gln Asp Ser Ser Thr Met Lys Phe Ser Pro Leu Asp Leu Met Thr

1 5 10 15

Ala Ile Ile Lys Gly Lys Phe Asn Pro Ser Asn Asp Ser Ser Gln Ala

20 25 30

Pro Ala Ser Ile Ile Phe Glu Asn Arg Glu Phe Val Met Ile Leu Thr

35 40 45

Thr Ser Ile Ala Val Leu Ile Gly Cys Val Val Val Leu Ile Trp Arg

50 55 60

Arg Ser Asn Ser Asn Lys Ser Lys Gln Ile Glu Val Pro Lys Leu Val

65 70 75 80

Ile Lys Lys Leu Pro Glu Leu Asp Val Asp Asp Gly Lys Lys Lys Val

85 90 95

Thr Val Phe Phe Gly Thr Gln Thr Gly Thr Ala Glu Gly Phe Ala Lys

100 105 110

Ala Ile Ala Glu Glu Ala Lys Ala Arg Tyr Glu Lys Ala Lys Phe Arg

115 120 125

Val Val Asp Met Asp Asp Tyr Ala Ala Asp Asp Asp Glu Tyr Leu Glu

130 135 140

Lys Leu Lys Arg Glu Thr Met Ala Leu Phe Phe Leu Ala Thr Tyr Gly

145 150 155 160

Asp Gly Glu Pro Thr Asp Asn Ala Ala Arg Phe Tyr Lys Trp Phe Thr

165 170 175

Glu Glu Tyr Glu Gly Glu Glu Asp Ser Phe Lys Asn Leu Ser Tyr Gly

180 185 190

Val Phe Gly Leu Gly Asn Arg Gln Tyr Glu His Phe Asn Lys Val Ala

195 200 205

Lys Val Val Asp Asp Lys Leu Leu Glu Gln Gly Gly Lys Arg Leu Val

210 215 220

Pro Val Gly Leu Gly Asp Asp Asp Gln Cys Ile Glu Asp Asp Phe Thr

225 230 235 240

Ala Trp Lys Glu Glu Leu Trp Pro Ala Leu Asp Gln Leu Leu Arg Asp

245 250 255

Glu Asp Asp Thr Pro Val Ala Thr Pro Tyr Thr Ala Ala Val Ser Glu

260 265 270
 Tyr Arg Val Val Ile His Asp Pro Leu Asp Ala Thr Val Asp Glu Lys

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

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

 405 410 415
 Ala Leu Ala Ala His Ala Ser Asp Pro Ser Glu Ala Asp Arg Leu Arg
 420 425 430
 His Leu Ala Ser Pro Ala Gly Lys Asp Glu Tyr Ala Glu Trp Val Ile
 435 440 445
 Ser Ser Gln Arg Ser Leu Leu Glu Val Met Ala Glu Phe Ser Ser Ala
 450 455 460
 Lys Pro Pro Ile Gly Val Phe Phe Ala Ala Val Ala Pro Arg Leu Gln

 465 470 475 480
 Pro Arg Tyr Tyr Ser Ile Ser Ser Ser Pro Arg Met Ala Pro Ser Arg
 485 490 495
 Ile His Val Thr Cys Ala Leu Val His Asp Lys Met Pro Thr Gly Arg
 500 505 510

Ile His Lys Gly Val Cys Ser Thr Trp Met Lys Asn Ser Val Pro Leu
515 520 525
Glu Lys Asn Gln Asp Cys Ser Trp Ala Pro Ile Phe Val Arg Gln Ser
530 535 540
Asn Phe Arg Leu Pro Ala Asp Asn Lys Val Pro Val Ile Met Ile Gly
545 550 555 560
Pro Gly Thr Gly Leu Ala Pro Phe Arg Gly Phe Leu Gln Glu Arg Leu
565 570 575
Ala Leu Lys Glu Asp Gly Ala Glu Leu Gly Pro Ser Val Leu Phe Phe
580 585 590
Gly Cys Arg Asn Arg Gln Val Asp Tyr Ile Tyr Glu Asp Glu Leu Asn
595 600 605
His Phe Val Asn Gly Gly Ala Leu Ser Glu Leu Ile Val Ala Phe Ser
610 615 620
Arg Asp Gly Pro Thr Lys Glu Tyr Val Gln His Lys Met Met Glu Lys
625 630 635 640
Ala Ser Asp Ile Trp Asn Met Ile Ser Gln Gly Ala Tyr Val Tyr Val
645 650 655
Cys Gly Asp Ala Lys Gly Met Ala Arg Asp Val His Arg Thr Leu His
660 665 670
Thr Ile Leu Gln Glu Gln Gly Ser Leu Asp Ser Ser Lys Thr Glu Ser
675 680 685
Met Val Lys Asn Leu Gln Met Thr Gly Arg Tyr Leu Arg Asp Val Trp
690 695 700
<210> 712
<211> 358
<212> PRT
<213> Oryza sativa
<400> 712
Met Ser Ala Tyr Cys Gly Lys Tyr Lys Asp Glu Leu Ile Lys Asn Ala
1 5 10 15

Ala Tyr Ile Gly Thr Pro Gly Lys Gly Ile Leu Ala Ala Asp Glu Ser
20 25 30

Thr Gly Thr Ile Gly Lys Arg Phe Ala Ser Ile Asn Val Glu Asn Val
35 40 45

Glu Glu Asn Arg Arg Ser Leu Arg Glu Leu Leu Phe Thr Thr Pro Gly
50 55 60

Ala Leu Gln His Leu Ser Gly Val Ile Leu Phe Glu Glu Thr Leu Tyr
65 70 75 80

Gln Lys Thr Lys Asp Gly Lys Pro Phe Val Asp Val Leu Lys Glu Gly
85 90 95

Gly Val Leu Pro Gly Ile Lys Val Asp Lys Gly Thr Val Glu Val Ala
100 105 110

Gly Thr Asn Lys Glu Thr Thr Thr Gln Gly His Asp Asp Leu Gly Lys
115 120 125

Arg Cys Ala Lys Tyr Tyr Glu Ala Gly Ala Arg Phe Ala Lys Trp Arg
130 135 140

Ala Val Leu Lys Ile Gly Pro Asn Glu Pro Ser Gln Leu Ser Ile Asp
145 150 155 160

Leu Asn Ala Gln Gly Leu Ala Arg Tyr Ala Ile Ile Cys Gln Glu Asn
165 170 175

Gly Leu Val Pro Ile Val Glu Pro Glu Ile Leu Val Asp Gly Ser His
180 185 190

Asp Ile Glu Arg Cys Ala Tyr Val Thr Glu Lys Val Leu Ala Ala Cys
195 200 205

Tyr Lys Ala Leu Asn Glu His His Val Leu Leu Glu Gly Ser Leu Leu
210 215 220

Lys Pro Asn Met Val Thr Pro Gly Ser Glu Ser Lys Lys Val Ser Pro
225 230 235 240

Gln Leu Ile Ala Glu Tyr Thr Val Arg Ala Leu Gln Arg Thr Val Pro
245 250 255

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

260 265 270

Glu Ala Thr Val Asn Leu Asn Ala Met Asn Lys Leu Ser Thr Lys Lys
275 280 285

Pro Trp Ala Leu Ser Phe Ser Phe Gly Arg Ala Leu Gln Gln Ser Thr
290 295 300

Leu Lys Ala Trp Gly Gly Lys Thr Glu Asn Val Val Lys Ala Gln Lys
305 310 315 320

Ala Phe Ile Thr Arg Cys Lys Ala Asn Ser Glu Ala Thr Leu Gly Thr
325 330 335

Tyr Gln Gly Asp Ala Val Leu Gly Glu Gly Ala Ser Glu Ser Leu His
340 345 350

Val Lys Asp Tyr Lys Tyr
355

<210> 713

<211> 275

<212> PRT

<213> Pisum sativum

<400> 713

Met Ala Ser Leu Gln Thr Gln Met Ile Ser Phe Tyr Ala Ile Phe Leu
1 5 10 15

Ser Ile Leu Leu Thr Thr Ile Leu Phe Phe Lys Val Asn Ser Thr Glu
20 25 30

Thr Thr Ser Phe Leu Ile Thr Lys Phe Ser Pro Asp Gln Gln Asn Leu
35 40 45

Ile Phe Gln Gly Asp Gly Tyr Thr Thr Lys Glu Lys Leu Thr Leu Thr
50 55 60

Lys Ala Val Lys Asn Thr Val Gly Arg Ala Leu Tyr Ser Ser Pro Ile
65 70 75 80

His Ile Trp Asp Arg Glu Thr Gly Asn Val Ala Asn Phe Val Thr Ser
85 90 95

Phe Thr Phe Val Ile Asn Ala Pro Asn Ser Tyr Asn Val Ala Asp Gly

100 105 110
Phe Thr Phe Phe Ile Ala Pro Val Asp Thr Lys Pro Gln Thr Gly Gly
115 120 125
Gly Tyr Leu Gly Val Phe Asn Ser Ala Glu Tyr Asp Lys Thr Thr Gln
130 135 140
Thr Val Ala Val Glu Phe Asp Thr Phe Tyr Asn Ala Ala Trp Asp Pro
145 150 155 160

Ser Asn Arg Asp Arg His Ile Gly Ile Asp Val Asn Ser Ile Lys Ser
165 170 175
Val Asn Thr Lys Ser Trp Lys Leu Gln Asn Gly Glu Glu Ala Asn Val
180 185 190
Val Ile Ala Phe Asn Ala Ala Thr Asn Val Leu Thr Val Ser Leu Thr
195 200 205
Tyr Pro Asn Ser Leu Glu Glu Glu Asn Val Thr Ser Tyr Thr Leu Ser
210 215 220

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

Ala Asp Ala
275

<210> 714

<211> 484

<212> PRT

<213> Oryza sativa

<400> 714

Met Ala Thr Thr Thr Ser Leu Leu Ser Ser Cys Leu Cys Ala Leu Leu

1 5 10 15
Leu Ala Pro Leu Phe Ser Gln Gly Val Asp Ala Trp Glu Ser Arg Gln
20 25 30

Gly Ala Ser Arg Gln Cys Arg Phe Asp Arg Leu Gln Ala Phe Glu Pro
 35 40 45
 Leu Arg Lys Val Arg Ser Glu Ala Gly Asp Thr Glu Tyr Phe Asp Glu
 50 55 60
 Arg Asn Glu Gln Phe Arg Cys Ala Gly Val Phe Val Ile Arg Arg Val
 65 70 75 80
 Ile Glu Pro Gln Gly Leu Val Val Pro Arg Tyr Ser Asn Thr Pro Ala
 85 90 95
 Leu Ala Tyr Ile Ile Gln Gly Lys Gly Tyr Val Gly Leu Thr Phe Pro
 100 105 110
 Gly Cys Pro Ala Thr His Gln Gln Gln Phe Gln Leu Phe Glu Gln Arg
 115 120 125
 Gln Ser Asp Gln Ala His Lys Phe Arg Asp Glu His Gln Lys Ile His
 130 135 140
 Glu Phe Arg Gln Gly Asp Val Val Ala Leu Pro Ala Ser Val Ala His
 145 150 155 160
 Trp Phe Tyr Asn Gly Gly Asp Thr Pro Ala Val Val Val Tyr Val Tyr
 165 170 175
 Asp Ile Lys Ser Phe Ala Asn Gln Leu Glu Pro Arg Gln Lys Glu Phe
 180 185 190
 Leu Leu Ala Gly Asn Asn Gln Arg Gly Gln Gln Ile Phe Glu His Ser
 195 200 205
 Ile Phe Gln His Ser Gly Gln Asn Ile Phe Ser Gly Phe Asn Thr Glu
 210 215 220
 Val Leu Ser Glu Ala Leu Gly Ile Asn Thr Glu Ala Ser Lys Arg Leu
 225 230 235 240
 Gln Ser Gln Asn Asp Gln Arg Gly Asp Ile Ile Arg Val Lys His Gly
 245 250 255
 Leu Gln Leu Leu Lys Pro Thr Leu Thr Gln Arg Gln Glu Glu His Arg
 260 265 270
 Gln Tyr Gln Gln Val Gln Tyr Arg Glu Gly Gln Tyr Asn Gly Leu Asp

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

325 330 335
 Val Asn Leu Tyr Gln Asn Ala Leu Leu Ser Pro Phe Trp Asn Ile Asn
 340 345 350
 Ala His Ser Val Val Tyr Ile Ile Gln Gly Ser Val Arg Val Gln Val
 355 360 365
 Ala Asn Asn Gln Gly Arg Ser Val Phe Asn Gly Val Leu His Gln Gly
 370 375 380
 Gln Leu Leu Ile Ile Pro Gln Asn His Ala Val Ile Lys Lys Ala Glu

385 390 395 400
 His Asn Gly Cys Gln Tyr Val Ala Ile Lys Thr Ile Ser Asp Pro Thr
 405 410 415
 Val Ser Trp Val Ala Gly Lys Asn Ser Ile Leu Arg Ala Leu Pro Val
 420 425 430
 Asp Val Ile Ala Asn Ala Tyr Arg Ile Ser Arg Asp Glu Ala Arg Arg
 435 440 445
 Leu Lys Asn Asn Arg Ala Asp Glu Ile Gly Pro Phe Thr Pro Arg Phe

450 455 460
 Pro Gln Lys Ser Gln Arg Gly Tyr Gln Phe Leu Thr Glu Gly Leu Ser
 465 470 475 480
 Leu Ile Gly Met

<210> 715

<211> 123

<212> PRT

<213> Pisum sativum

<400> 715

Gln Lys Ala Pro Arg Lys Gln Leu Ala Thr Lys Ala Ala Arg Lys Ser
1 5 10 15
Ala Pro Ala Thr Gly Gly Val Lys Lys Pro His Arg Phe Arg Pro Gly
20 25 30
Thr Val Ala Leu Arg Glu Ile Arg Lys Tyr Gln Lys Ser Thr Glu Leu
35 40 45
Leu Ile Arg Lys Leu Pro Phe Gln Arg Leu Val Arg Glu Ile Ala Gln
50 55 60
Asp Phe Lys Thr Asp Leu Arg Phe Gln Ser Ser Ala Val Ser Ala Leu
65 70 75 80
Gln Glu Ala Ala Glu Ala Tyr Leu Val Gly Leu Phe Glu Asp Thr Asn
85 90 95
Leu Cys Ala Ile His Ala Lys Arg Val Thr Ile Met Pro Lys Asp Ile
100 105 110
Gln Leu Ala Arg Arg Ile Arg Gly Glu Arg Ala
115 120
<210> 716
<211> 232
<212> PRT
<213> Pisum sativum
<400> 716
Met Ala Gln Ser Val Ser Leu Ser Thr Ile Ala Ser Pro Ile Leu Ser
1 5 10 15
Gln Lys Pro Gly Ser Ser Val Lys Ser Thr Pro Pro Cys Met Ala Ser
20 25 30
Phe Pro Leu Arg Arg Gln Leu Pro Arg Leu Gly Leu Arg Asn Val Arg
35 40 45
Ala Gln Ala Gly Gly Asp Gly Asp Asn Lys Asp Asn Ser Val Glu Val
50 55 60
His Arg Val Asn Lys Asp Asp Gln Gly Thr Ala Val Glu Arg Lys Pro
65 70 75 80
Arg Arg Ser Ser Ile Asp Ile Ser Pro Phe Gly Leu Leu Asp Pro Trp

85

90

95

Ser Pro Met Arg Ser Met Arg Gln Met Leu Asp Thr Met Asp Arg Ile

100

105

110

Phe Glu Asp Ala Ile Thr Ile Pro Gly Arg Asn Ile Gly Gly Gly Glu

115

120

125

Ile Arg Val Pro Trp Glu Ile Lys Asp Glu Glu His Glu Ile Arg Met

130

135

140

Arg Phe Asp Met Pro Gly Val Ser Lys Glu Asp Val Lys Val Ser Val

145

150

155

160

Glu Asp Asp Val Leu Val Ile Lys Ser Asp His Arg Glu Glu Asn Gly

165

170

175

Gly Glu Asp Cys Trp Ser Arg Lys Ser Tyr Ser Cys Tyr Asp Thr Arg

180

185

190

Leu Lys Leu Pro Asp Asn Cys Glu Lys Glu Lys Val Lys Ala Glu Leu

195

200

205

Lys Asp Gly Val Leu Tyr Ile Thr Ile Pro Lys Thr Lys Ile Glu Arg

210

215

220

Thr Val Ile Asp Val Gln Ile Gln

225

230

<210> 717

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> peptide

<400> 717

Leu Asp Val Thr Pro Leu Ser Leu Gly Leu

1

5

10

<210> 718

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 718

Glu Glu Gly Ile Gln Leu Val Ala Glu Ala Ile Arg

1 5 10

<210> 719

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 719

Tyr Ser Leu Lys Pro Leu Val Pro Arg

1 5

<210> 720

<211> 4

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 720

Trp His Thr Ala

1

<210> 721

<211> 4

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 721

Trp His Asn Ala

1

<210> 722

<211> 4

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 722

Asn Asn Pro Phe

1

<210> 723

<211> 4

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 723

Met Arg Phe Arg

1

<210> 724

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 724

Met Pro Pro Ser Ser

1 5

<210> 725

<211> 4

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 725

His Met Pro Ser

1

<210> 726

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400>

> 726

His Met Pro Pro Ser

1 5

<210> 727

<211> 4

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 727

Gly His Pro Met

1

<210> 728

<211> 4

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 728

Phe Trp Asn Ala

1

<210> 729

<211> 4

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 729

Phe His Met Pro

1

<210> 730

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 730

Trp Thr Ile Val Gln Gly Leu Pro Ile Asp Glu

1

5

10

<210> 731

<211> 9

<212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> PEPTIDE
 <400> 731
 Gly Tyr Pro Met Tyr Pro Leu Pro Arg
 1 5
 <210> 732
 <211> 9
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> PEPTIDE
 <400> 732
 His Gly Gly Glu Gly Gly Arg Pro Tyr
 1 5
 <210> 733
 <211> 6
 <212>
 PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> PEPTIDE
 <400> 733
 Leu Arg Gly Phe Ser Lys
 1 5
 <210> 734
 <211> 9
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> PEPTIDE
 <400> 734
 Gly Ala Leu Met Leu Pro His Tyr Asn
 1 5
 <210> 735
 <211> 11
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 735

Gly Ala Leu Met Leu Pro His Tyr Asn Ser Arg

1 5 10

<210> 736

<211

> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 736

Val Phe Asp Gly Val Leu Arg Pro Gly

1 5

<210> 737

<211> 6

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 737

Leu Gln Ser Gln Asn Asp

1 5

<210> 738

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 738

Leu Gln Ser Gln Asn Asp Gln Arg Gly Glu Ile

1 5 10

<210

> 739

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 739

Gln Ser Gln Asn Asp Gln Arg Gly Glu Ile Ile His Val Lys

1 5 10

<210> 740

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 740

Arg Gly Glu Ile Ile His Val Lys

1 5

<210> 741

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 741

Arg Leu Gln Ser Gln Asn Asp Gln

1 5

<210> 742

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 742

Arg Leu Gln Ser Gln Asn Asp Gln Arg Gly

1 5 10

<210> 743

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 743

Arg Leu Gln Ser Gln Asn Asp Gln Arg Gly Glu Ile Ile His

1 5 10

<210> 744

<211> 4

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><

223> PEPTIDE

<400> 744

Met Pro Met Pro

1

<210> 745

<211> 4

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 745

Pro Met Pro Leu

1

<210> 746

<211> 6

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 746

Leu Glu Pro Asp Asn Arg

1 5

<210> 747

<211> 13

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 747

Gly Ile Ala Arg Leu Ala Gly Thr Ser Ser Val Ile Asn

1 5 10

<210> 748
 <211> 6
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> PEPTIDE
 <400> 748
 Arg Ser Gln Asn Ile Phe
 1 5
 <210> 749
 <211> 4
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> PEPTIDE
 <400> 749
 Pro Asn Ser Met
 1
 <210> 750
 <211> 4
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> PEPTIDE
 <400> 750
 Gly His Pro Met
 1
 <210> 751
 <211> 4
 <212>
 > PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220><223> PEPTIDE
 <400> 751
 His Pro Met Ser
 1
 <210> 752
 <211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 752

Phe Leu Pro Gln His Thr Asp

1 5

<210> 753

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 753

Glu Trp Gln Ile Asn Glu Lys

1 5

<210> 754

<211> 13

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 754

Gly Pro Gln Gln Tyr Ala Glu Trp Gln Ile Asn Glu Lys

1 5 10

<210> 755

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 755

Pro Gln Gln Tyr Ala Glu Trp Gln

1 5

<210> 756

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 756

Arg Gly Pro Gln Gln Tyr Ala

1 5

<210> 757

<211> 4

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 757

His Asn Pro Arg

1

<210> 758

<211> 4

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 758

Trp His Asn Arg

1

<210> 759

<211> 4

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 759

Trp Asp Pro Ala

1

<210> 760

<211> 4

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 760

His Pro Ser Phe

1

<210> 761

<211> 22

<212>

> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 761

Pro Gly Gln Leu Gln Ser Phe Leu Leu Ser Gly Asn Gln Asn Gln Gln

1 5 10 15

Asn Tyr Leu Ser Gly Phe

20

<210> 762

<211> 22

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 762

Gln Leu Gln Ser Phe Leu Leu Ser Gly Asn Gln Asn Gln Gln Asn Tyr

1 5 10 15

Leu Ser Gly Phe Ser Lys

20

<210> 763

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 763

Gln Ser Phe Leu Leu Ser Gly Asn Gln Asn Gln Gln

1 5 10

<210> 764

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 764

Pro Gly Gln Leu Gln Ser Phe Leu Leu Ser Gly Asn

1 5 10

<210> 765

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 765

Gln Ser Phe Leu Leu Ser Gly Asn Gln

1 5

<210> 766

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 766

Gln Asn Gln Gln Asn Tyr Leu Ser Gly Phe Ser Lys

1 5 10

<210> 767

<211> 6

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 767

Tyr Leu Arg Gly Phe Ser

1 5

<210> 768

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 768

Pro Val Glu Met Pro Thr Leu Leu Tyr Pro Ser

1 5 10

<210> 769

<211> 13

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 769

Arg Gly Pro Gln Gln Tyr Ala Glu Trp Gln Ile Asn Glu

1 5 10

<210> 770

<211> 24

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 770

Gly Tyr Val Gly Leu Thr Phe Pro Gly Cys Pro Ala Thr His Gln Gln

1 5 10 15

Gln Phe Gln Leu Phe Glu Gln Arg

20

<210> 771

<211> 18

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 771

Lys Asn Pro Gln Leu Gln Asp Leu Asp Ile Phe Val Asn Tyr Val Glu

1 5 10 15

Ile Lys

<210> 772

<211> 24

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 772

Pro Gly Gln Leu Gln Ser Phe Leu Leu Ser Gly Asn Gln Asn Gln Gln

1 5 10 15

Asn Tyr Leu Ser Gly Phe Ser Lys

20

<210> 773

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 773

Arg Gly Pro Gln Gln Tyr Ala Glu Trp Gln Ile Asn Glu Lys

1 5 10

<210> 774

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 774

Val Leu Asp Leu Ala Ile Pro Val Asn Arg Pro Gly Gln Leu

1 5 10

<210> 775

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PEPTIDE

<400> 775

Arg Gly Pro Gln Gln Tyr Ala Glu Trp Gln Ile Asn Glu Lys

1 5 10