



**(19) 대한민국특허청(KR)**  
**(12) 공개특허공보(A)**

(11) 공개번호 10-2019-0082996  
(43) 공개일자 2019년07월10일

- |  |   |
|--|---|
| <p>(51) 국제특허분류(Int. Cl.)<br/>A61K 39/395 (2006.01) A61K 39/116 (2006.01)<br/>C07K 16/00 (2006.01) C07K 16/12 (2006.01)</p> <p>(52) CPC특허분류<br/>A61K 39/395 (2013.01)<br/>A61K 39/116 (2013.01)</p> <p>(21) 출원번호 10-2019-7019158(분할)</p> <p>(22) 출원일자(국제) 2007년06월05일<br/>심사청구일자 2019년07월02일</p> <p>(62) 원출원 특허 10-2018-7009434<br/>원출원일자(국제) 2007년06월05일<br/>심사청구일자 2018년04월25일</p> <p>(85) 번역문제출일자 2019년07월02일</p> <p>(86) 국제출원번호 PCT/EP2007/055535</p> <p>(87) 국제공개번호 WO 2007/141278<br/>국제공개일자 2007년12월13일</p> <p>(30) 우선권주장<br/>60/811,542 2006년06월06일 미국(US)<br/>(뒷면에 계속)</p> | <p>(71) 출원인<br/>얀센 백신스 앤드 프리벤션 비.브이.<br/>네덜란드 엔엘-2333 씨엔 레이덴 아르키메데스웨그 4</p> <p>(72) 발명자<br/>스로스비, 마크<br/>네덜란드 엔엘-3581 에르베 우트레흐 케르크스트라트 37<br/>크라머, 로버트 아르젠<br/>네덜란드 엔엘-3524 카페 우트레흐 톰바르데이 15<br/>데 크라우프, 코르넬리스 아드리안<br/>네덜란드 엔엘-3731 에엘 데 빌트 베스테르란 40</p> <p>(74) 대리인<br/>김윤배</p> |
|--|---|

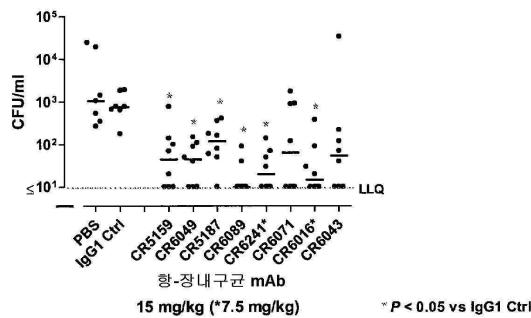
전체 청구항 수 : 총 1 항

**(54) 발명의 명칭 장내구균에 대한 사멸활성을 갖는 인간결합분자 및 그것의 용도**

**(57) 요약**

본 발명은 특이적으로 장내구균에 결합하고 장내구균에 대한 사멸활성을 갖는 인간 결합 분자, 상기 인간 결합분자를 암호화하는 핵산분자, 상기 인간 결합분자를 포함하는 조성물 및 인간 결합분자를 동정하거나 생산하는 방법을 제공한다. 인간 결합 분자는 장내구균에 위한 병태의 진단, 예방 및/또는 치료에 사용될 수 있다.

**대표도** - 도1



(52) CPC특허분류

*C07K 16/00* (2013.01)

*C07K 16/1228* (2013.01)

(30) 우선권주장

06115013.2 2006년06월06일

유럽특허청(EPO)(EP)

06116719.3 2006년07월06일

유럽특허청(EPO)(EP)

06121258.5 2006년09월26일

유럽특허청(EPO)(EP)

07103587.7 2007년03월06일

유럽특허청(EPO)(EP)

---

**명세서**

**청구범위**

**청구항 1**

최소한 두개의 다른 장내구균(*Enterococcus*) 종의 각각의 최소한 하나의 균주에 대한 그리고 황색 포도상구균 (*Staphylococcus aureus*)의 최소한 하나의 균주에 대한 흡소닌 탐식 사멸활성을 갖는 것을 특징으로 하는 인간 모노클로날 항체.

**발명의 설명**

**기술분야**

[0001] 본 발명은 의학에 관한 것이다. 특히 본 발명은 장내구균에 의한 감염의 진단, 예방 및/또는 치료에 관한 것이다.

**배경기술**

[0002] 장내구균은 *Enterococcaceae* 과의 그람-양성, 임의의 혐기성 세균이다. 이들은 이미 그룹 D 연쇄구균으로 분류되어 있다. 장내구균은 대부분의 인간의 장에서 발견되고 일반적으로 변기, 소변 및 복강내 및 낮은 말단 감염 부위에서 단리된다. *Enterococcus* 속의 세균은 종종 위장관의 무해한 공생 생물로 간주되지만, 지난 10년 동안 이들은 병독성의 증가 때문이 아니라 항생물질 내성 때문에, 병원내(병원에서 감염되는) 감염의 중요한 원인이 되었다. 미국에서, 해마다 장내구균 감염의 발생은 800,000건이고 이것은 약 5억불의 비용을 발생시킨다. 감염을 위해 숙주 장내구균은 우선적으로 점막 표면에 군락화한다. 장내구균은 균혈증, 수술 상처 감염, 요로감염 및 심내막염의 병인제이다. 이들은 또한 장내 중양이 되는 혼합 감염에서의 절대 혐기성 생물과 관련된다. 전체적으로 약 17종의 장내구균이 있고, 그 중 엔테로코쿠스 파이칼리스균(*Enterococcus faecalis*) 및 엔테로코쿠스 파이스쿰균(*Enterococcus faecium*) 이 인간 대변에서 가장 흔하게 검출되는 것으로 보인다. *E. faecalis* 은 대부분의 인간 장내구균 감염의 원인이고, 보통 임상 단리물의 80-90%을 나타낸다. *E. faecium*은 훨씬 덜 검출되지만, 그럼에도 불구하고 항생제에 대한 다중 내성의 높은 발생으로 인해 중요하다. 장내구균 감염은 주로 항생제로 처리되고 최근까지 이들은 이들 약제를 사용하여 충분히 조절되었다. 그러나, 약물-내성 장내구균 균주가 출현하였고 현재 이용가능한 모든 항생제에 내성인 균주에 의한 감염은 곧 심각한 문제가 될 것이다. 몇몇 장내구균은 많은 아미노글리코시드뿐 아니라  $\beta$ -락탐 기제 항생제(페니실린)에 대해 이미 획득된 내재적 내성을 갖는다. 지난 20년 동안, 항생물질 반코마이신에도 내성을 갖는 *Enterococcus*와 특히 악성 균주(반코마이신-내성 장내구균 또는 VRE)가 입원 환자의 병원내 감염에서 출현하였다. 새로운 항생물질의 개발에 대한 긴급한 필요에도 불구하고, 대부분의 제약회사들은 항생제 시장에 관심을 잃었다. 2002년에, 단계 II 또는 단계 III 임상 개발에서 500개를 넘는 약물 중 오직 5개만이 신규 항생제였다. 지난 6년간, 겨우 10개의 항생제가 등록되었고 이들 중 오직 2개만이 기존의 약물과 교차 반응성을 나타내지 않았다(그리고 따라서 약물 내성에 대한 동일한 패턴을 나타내지 않았다). 이러한 경향은 여러 인자에 기인한다: 새로운 약물 개발 비용과 고혈압, 류머티스에 대한 약물 및 발기부전제와 같은 생활양식 약물과 비교하여 감염성 질병 치료를 가져오는 연구에 대한 상대적으로 투자에 대한 작은 회수. 또 다른 기인 요소는 새로운 표적 발견의 어려움의 증가로, 추가로 개발 비용을 상승시킨다. 그러므로, (다중-약물-내성)세균성 감염에 대한 새로운 치료 또는 예방 측정에 대한 연구가 임박한 건강 관리 위험을 해결하는데 급히 요구된다.

[0003] 백신으로의 활성 면역과 면역 글로불린으로의 수동 면역은 전통적인 작은 분자 치료법에 대안을 약속한다. 광범위한 병, 장애 및 사멸을 일단 일으킨 세균성 질병 중 약간은 백신의 사용을 통해 막을 수 있다. 백신은 약화된(약독된) 또는 사멸된 세균, 세균 표면의 성분 또는 불활성화된 독소를 기제로 한다. 백신에 의한 면역 반응은 주로 면역원성 구조, 면역 시스템에 의해 활성적으로 진행되는 세균에서 단백질 또는 당 구조물의 제한된 수를 향한다. 이들 면역원성 구조물은 유기체에 매우 특이적이므로, 백신은 백신이 방어해야 할 세균의 모든 변이체의 면역원성 성분을 포함해야 한다. 그 결과로서, 백신은 개발하는데 매우 복잡하고 오래걸리며 비싸다. 더욱 복잡하기는, 백신 고안은 '항원 대체'의 현상이다. 이것은 이들 백신에 의해 커버되는 균주와 혈청학적으로 및 그러므로 항원적으로 구별되는 새로운 균주가 유행할 때 발생한다. 병원 감염에 대한 위험에서 개체의 면역 상태는

백신 고안을 더욱 복잡하게 한다. 이들 환자는 원래 건강이 좋지 않고 (면역억제제의 효과로 인해) 염증성 병원균에 대해 연기되거나 불충분한 면역을 가져오는 면역시스템이 손상될 수 있다. 더우기 특정 선택적 과정의 경우를 제외하고, 감염으로부터 충분한 면역 보호를 위해 정시에 위험한 환자에게 동정하고 백신화하는 것은 불가능하다.

[0004] 치료적 면역글로불린의 직접 투여는, 또한 수동 면역화로 불리며 환자로부터 면역 반응을 요구하지 않고, 따라서 즉각적 보호를 제공한다. 이에 더하여, 수동 면역은 면역원성이 아니고 유기체에 덜 특이적인 세균 구조를 지향할 수 있다. 병원성 유기체에 대한 수동 면역은 인간 또는 비-인간 공여자의 혈청으로부터 유래한 면역글로불린을 기제로 하여왔다. 그러나, 혈액-유래 산물은 이들 산물과 관련된 잠재적 건강 위험을 갖는다. 이에 더하여, 면역글로불린은 배치-대-배치 변화를 나타낼 수 있고 갑작스런 대량 노출의 경우 이용가능성이 제한될 수 있다. 최근 생산된 항체는 이러한 단점이 없고 그러므로, 혈청으로부터 유래된 면역글로불린을 대체할 기회를 제공한다.

[0005] 장내구균 항원에 대해 지향된 무린 모노클로날 항체가 본 분야에 알려져 있다(WO 03/072607참조). 그러나 무린 항체는 짧은 혈청 반감기, 인간에서 무린 항체(HAMA)에 대한 원하지 않는 극적인 면역반응의 유발과 특정 인간 작용기 기능을 유발할 수 없음과 관련하여, 인간에 무린 항체의 투여 등과 같은 인비보에서의 그들의 사용이 제한된다.

[0006] WO 99/18996은 장내구균 항원과 백신에 관한 것이다. WO 99/18996은 추가로 장내구균으로부터 컨쥬게이트된 정제된 항원에 대한 래빗 항혈청을 기재한다.

[0007] 비록 WO 99/18996이 기재된 분자로서 인간 항체를 언급하지만, 실제 기재되고 사용된 항체는 래빗 기원이고, 이 문헌은 실제로 어느 인간 항체나 그것의 서열을 기재하지 않는다.

**발명의 내용**

**해결하려는 과제**

[0008] 인간에서 이들 치료적 이점의 면에서, 장내구균에 대한 인간 모노클로날 항체에 대한 요구는 여전히 존재한다.

[0009] 이에 더하여, 본 분야에서 장내구균과 포도상구균과 같은, 광범위한 세균을 사멸할 수 있는 인간 항체에 대한 요구가 존재한다.

**과제의 해결 수단**

[0010] 본 발명은 이들 항체를 제공하고 이들이 의약, 특히 장내구균 감염의 진단, 예방 및/또는 치료에 사용될 수 있음을 나타낸다.

**발명의 효과**

[0011] 본 발명의 항체는 의약, 특히 장내구균 감염의 진단, 예방 및/또는 치료에 사용될 수 있다.

**도면의 간단한 설명**

[0012] 도 1은 인 비보 실험의 데이터이다. Y-축에서, 마우스 혈중 CFU/ml를 나타내었고, X-축에 각각의 항체를 나타내었다. 항체는 15mg/kg의 양으로 사용하였고, 반면 CR6016과 CR6214은 7.5mg/kg의 양으로 사용하였다. CR6043과 CR6071을 제외하고 모든 항체는 대조 IgG의 평균과 상당히 다른 평균을 가졌다(P<0.05 대 IgG1 ctrl.).

**발명을 실시하기 위한 구체적인 내용**

[0013] 이하는 본 발명에 사용되는 용어의 정의이다.

[0014] *DEFINITIONS*

[0015] 아미노산 서열

[0016] 본 발명에 사용되는 용어 "아미노산 서열"는 천연적으로 발생하거나 또는 합성된 분자, 및 펩티드, 올리고펩티드, 폴리펩티드 또는 단백질 서열을 말한다.

[0017] 결합분자

- [0018] 본 발명에 사용되는 용어 "결합 분자"는 키메라, 인간화 또는 인간 모노클로날 항체와 같은 모노클로날 항체를 포함하는 완전한 면역글로불린, 또는 항원-결합 및/또는 면역글로불린의 결합 파트너, 즉 장내구균에 특이적으로 결합하기 위해 완전한 면역글로불린과 경쟁하는 면역글로불린의 단편을 포함하는 가변 도메인을 말한다. 구조와 상관없이, 항원-결합 단편은 완전한 면역글로불린에 의해 인식되는 동일한 항원과 결합된다. 항원-결합 단편은 결합 분자의 아미노산 서열의 적어도 2개의 연속 아미노산 잔기, 적어도 5개의 연속 아미노산 잔기, 적어도 10개의 연속 아미노산 잔기, 적어도 15개의 연속 아미노산 잔기, 적어도 20개의 연속 아미노산 잔기, 적어도 25개의 연속 아미노산 잔기, 적어도 30개의 연속 아미노산 잔기, 적어도 35개의 연속 아미노산 잔기, 적어도 40개의 연속 아미노산 잔기, 적어도 50개의 연속 아미노산 잔기, 적어도 60개의 연속 아미노산 잔기, 적어도 70개의 연속 아미노산 잔기, 적어도 80개의 연속 아미노산 잔기, 적어도 90개의 연속 아미노산 잔기, 적어도 100개의 연속 아미노산 잔기, 적어도 125개의 연속 아미노산 잔기, 적어도 150개의 연속 아미노산 잔기, 적어도 175개의 연속 아미노산 잔기, 적어도 200개의 연속 아미노산 잔기, 적어도 250개의 연속 아미노산 잔기의 아미노산 서열을 포함하는 펩티드 또는 폴리펩티드를 포함할 수 있다.
- [0019] 본 명세서에 사용되는 바와 같이, 용어 "결합 분자"는 본 분야에 알려진 모든 면역글로불린류 및 아류를 포함한다. 그들의 중쇄의 불변 도메인의 아미노산 서열에 따라, 결합 분자는 완전 항체의 5가지의 주류로 나눌 수 있다: IgA, IgD, IgE, IgG 및 IgM. 그리고 이들 중 여섯은 아류(이소타입)로 더욱 나눌 수 있다: 예를 들면, IgA1, IgA2, IgG1, IgG2, IgG3 및 IgG4.
- [0020] 항원-결합 단편은, 무엇보다도, Fab, F(ab'), F(ab')<sub>2</sub>, Fv, dAb, Fd, 상보성 결정영역(CDR) 단편, 단일-사슬 항체(ScFv), 이가의 단일-사슬 항체, 단일-사슬 파아지 항체, 다이아바디(diabodies), 트리아바디(triabodies), 테트라바디(tetrabodies), 폴리펩티드에 결합된 특이 항원을 제공하기에 충분한 면역글로불린의 적어도 단편을 함유하는 (폴리)펩티드를 포함한다. 상기 단편들은 합성적으로 또는 효소적으로 또는 완전한 면역글로불린의 화학적 분열에 의해 생산될 수 있고 또는 재조합 DNA 기술에 의해 유전적으로 설계될 수 있다. 생산의 방법은 본 분야에 잘 알려져 있고 예를 들면, 항체: A Laboratory Manual, Edited By: E. Harlow 및 D. Lane(1988), Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor, New York에 기재되어 있고, 여기에 참조로 병합되어 있다. 결합분자 또는 그들의 항원-결합 단편은 하나 이상의 결합 부위를 가질 수 있다. 하나보다 많은 결합부위를 갖는 경우, 결합 부위들은 서로 동일하거나 또는 다를 수 있다.
- [0021] 결합분자는 네이크(nake)된 또는 비컨쥬게이트된 결합 분자일 수 있지만, 또한 면역컨쥬게이트의 일부일 수 있다. 네이크된 또는 비컨쥬게이트된 결합분자는, 컨쥬게이트되고, 효과적으로 연결되고, 또는 한편으로 물리적으로 또는 무엇보다도, 독성 물질, 방사성 물질, 리포솜, 효소와 같은 기능적으로 작동체 부분 또는 태그와 연결되지 않는 결합분자를 말하는 의도이다. 네이크된 또는 비컨쥬게이트된 결합 분자는 작동체 부분 또는 태그의 결합에 의한 것 이외의, 안정화되고, 멀티머화되고, 인간화되거나 또는 다른 방법으로 조작된 결합분자를 배척하지 않는다. 따라서, 모든 후-변역적으로 변형된 네이크된 및 비컨쥬게이트된 결합 분자들은 여기에 포함되고, 변형이 재조합 결합 분자-생산 세포에 의해, 천연 결합 분자-생산 세포 환경에서 이루어지고, 초기 결합 분자 제조 후 인간의 손에 의해 도입되는 것을 포함한다. 물론, 용어 네이크된, 또는 비컨쥬게이트된 결합분자는 작동체세포 및/또는 분자와 기능적 관련을 형성하는 결합분자의 가능성을 배척하지 않고, 이와 같은 상호작용의 몇몇은 생리적 효과를 발휘하기 위해 필요하기 때문이다.
- [0022] 생리적 샘플
- [0023] 여기서 사용되는 바에 따라, 용어 "생리적 샘플"은 혈액 및 생리적 기원의 다른 액체 샘플, 생검 시편 또는 조직 배양물과 같은 고형 조직 샘플, 또는 그로부터 유래된 세포 및 그들의 자손을 포함하여, 샘플 타입의 다양성을 망라한다. 또한, 용어는 그들의 획득 후, 예를 들면 시약으로 처리, 고형화, 또는 단백질 또는 폴리뉴클레오티드와 같은 특정 성분의 풍부에 의한 바와 같이, 여러 방법으로 조작된 샘플을 포함한다. 용어는 어느 종류로부터 얻은 임상적 샘플의 여러 종류를 포함하고, 또한 배양물 중의 세포, 세포 상정액 및 세포 용출물을 포함한다.
- [0024] 상보적 결정 영역(CDR)
- [0025] 본 명세서에서 사용되는 용어 "상보적 결정 영역"은 면역글로불린과 같은 결합 분자의 가변영역 내의 서열을 의미하고, 보통 형태와 전하 분포에서 항원에서 인식되는 에피토프와 상보적인 항원 결합 부위에 대부분 기여한다. CDR 영역은 선형 에피토프, 불연속 에피토프, 또는 단백질의 천연 형태로 단백질 상에 존재하거나 또는 몇몇 경우, 예를 들면, SDS에서 안정화됨에 의해 변형된 단백질 상에 존재하는 바와 같이, 단백질 또는 단백질

질 단편의 구조적(conformational) 에피토프에 특이적일 수 있다. 에피토프는 또한 단백질의 후번역 변형으로 이루어진다.

[0026] 결실

[0027] 여기서 사용되는 용어 "결실"은 각각 부모 분자와 비교하여, 종종 천연적으로 발생하는, 하나 이상의 아미노산 또는 뉴클레오티드 잔기가 없는 아미노산 또는 뉴클레오티드에서의 변화를 말한다.

[0028] 발현-조절 핵산 서열

[0029] 여기서 사용되는 용어 "발현-조절 핵산 서열"은 특정 숙주 유기물에서 사용가능하게 연결된 암호화 서열의 발현에 필요하거나 및/또는 영향을 미치는 폴리뉴클레오티드 서열을 말한다. 발현-조절 핵산 서열, 무엇보다도 적절한 전사 개시, 종료, 프로모터, 인핸서 서열; 스플라이싱(splicing)과 같은 효과적인 RNA 처리 시그널 및 폴리아데닐화 시그널; 세포질 mRNA를 안정화시키는 서열; 번역 효율을 강화하는 서열(예를 들면, 리보솜 결합부위); 단백질 안정성을 강화하는 서열; 및 필요한 경우, 단백질 분비를 강화하는 서열은 선택된 숙주 유기체에서 활성을 나타내는 어느 핵산 서열일 수 있고 그리고 단백질을 암호화하는 유전자에서 유래될 수 있고, 이것은 숙주 유기체와 상동 또는 비상동이다. 발현-조절 서열의 동정 및 작용은 본 분야의 당업자들에게는 정례적인 것이다.

[0030] 기능적 변이체

[0031] 여기서 사용되는 용어 "기능적 변이체"는 부모 결합 분자의 뉴클레오티드 및/또는 아미노산 서열과 비교하여 하나 이상의 뉴클레오티드 및/또는 아미노산에 의해 변형되고 여전히 결합 파트너, 예를 들면, 장내구균에 결합하기 위해, 부모 결합 분자와 경쟁할 수 있는 뉴클레오티드 및/또는 아미노산 서열을 포함하는 결합분자를 말한다. 다시 말하면, 부모 결합 분자의 아미노산 및/또는 뉴클레오티드 서열에서의 변형은 뉴클레오티드 서열에 의해 암호화되거나 아미노산 서열을 함유하는 결합 분자의 결합 특성에 상당한 영향을 미치거나 변형시키지 않고, 즉 결합 분자는 여전히 그것의 표적을 인식하고 결합할 수 있다. 기능적 변이체는 뉴클레오티드와 아미노산 치환, 첨가 및 결실을 포함하는 보수적인 서열 변형을 가질 것이다. 이들 변형은 부위-지향 돌연변이 생성 및 랜덤 PCR- 조절 돌연변이 생성과 같은 본 분야에 알려진 표준 기술에 의해 유도될 수 있고, 비-천연 뉴클레오티드와 아미노산 뿐 아니라 천연 뉴클레오티드를 포함할 것이다.

[0032] 보존적 아미노산 치환체는 아미노산 잔기가 유사한 구조적 또는 화학적 특성을 갖는 아미노산 잔기로 대체된 것을 포함한다. 유사한 부사슬을 갖는 아미노산 잔기의 종류들이 본 분야에 정의되어 있다. 이들 종류들은 염기성 부사슬(예를 들면, 라이신, 아르기닌, 히스티딘), 산성 부사슬(예를 들면, 아스파르트산, 글루탐산), 비하전된 극성 부사슬(예를 들면, 아스파라긴, 글루타민, 세린, 트레오닌, 티로신, 시스틴, 트립토판), 비극성 부사슬(예를 들면, 글리신, 알라닌, 발린, 로이신, 이소로이신, 프롤린, 페닐알라닌, 메티오닌), 베타-분지된 부사슬(예를 들면, 트레오닌, 발린, 이소로이신) 및 방향족 부사슬(예를 들면, 티로신, 페닐알라닌, 트립토판)을 갖는 아미노산을 포함한다. 위에서 사용된 것 이외의 아미노산 잔기 종류의 분류가 또한 적용될 수 있다는 것은 당업자에게 명백할 것이다. 더우기, 변이체는 비-보존적 아미노산 치환물, 예를 들면, 다른 구조 및 화학적 특성을 갖는 아미노산 잔기에 의한 아미노산의 대체물을 가질 수 있다. 유사한 사소한 변이는 또한 아미노산 결실 또는 삽입, 또는 둘 다를 포함할 수 있다. 면역학적 활성의 파괴없이 어느 아미노산 잔기가 치환되고, 삽입되고 또는 결실되는가를 결정하는 안내는 본 분야에 잘 알려진 컴퓨터 프로그램을 사용하여 발견될 수 있다.

[0033] 뉴클레오티드 서열의 돌연변이는 전이 또는 전위 돌연변이와 같은 유전자자리에서 이루어지는 단일 변형(1점 돌연변이)일 수 있고, 또는 선택적으로, 복수개의 뉴클레오티드가 단일 유전자자리에서 삽입, 결실 또는 변화될 수 있다. 이에 더하여, 하나 이상의 변형이 뉴클레오티드 서열 내의 어느 수의 유전자 자리에서 이루어질 수 있다. 돌연변이는 본 분야에 알려진 어느 알맞은 방법으로 실시될 수 있다.

[0034] 숙주

[0035] 여기서 사용되는 용어 "숙주"는 그곳으로 클로닝 벡터 또는 발현 벡터와 같은 벡터가 도입되어진 유기체 또는 세포를 말하는 것을 의도한다. 유기체 또는 세포는 원핵 또는 진핵일 수 있다. 이 용어는 특정 개체 유기물 또는 세포만을 언급하는 것이 아니며 또한 유기체와 세포의 자손도 언급하는 의미이다. 어느 변형은 돌연변이 또는 환경적 영향에 의해 연속적인 세대에서 발생할 수 있기 때문에, 이와 같은 자손은, 실제로, 부모 유기체 또는 세포와 동일하지 않을 수 있지만, 여기서 사용되는 용어 "숙주"의 범위에는 여전히 포함된다.

[0036] 인간

- [0037] 용어 "인간"은, 여기서 정의된 바와 같이 결합분자에 적용될 때, 인간으로부터 직접 유래되거나 또는 인간 서열을 기재로 하는 분자를 말한다. 결합 분자가 인간서열로부터 유래되거나 기재로 하고 이어서 변형되면, 이것은 여전히 본 명세서에 전반적으로 사용된 바와 같이 인간으로 간주된다. 다시 말하면, 용어 인간은 결합 분자에 적용될 때, 가변 또는 불변 영역 어느 것을 기준으로 하거나, 인간 또는 인간 림프구에서 또는 변형된 형태에서 발생하지 않는 인간 생식계 면역글로불린 서열로부터 유래된 가변 및 불변 영역을 갖는 결합분자를 포함하는 것을 의도한다. 그러므로, 인간 결합 분자는 인간 생식계 면역글로불린 서열에 의해 암호화되지 않는 아미노산 잔기를 포함할 수 있고, 치환 및/또는 결실을 포함한다(예를 들면, 인비트로 임의 또는 부위-특이 돌연변이 또는 인비보 체세포 돌연변이에 의해 도입되는 돌연변이). 여기서 사용되는 "기재로 하는"은 핵산 서열이 주형으로부터 정확히 복사되거나, 또는 에러가 많은(error-prone) PCT법에서와 같이 사소한 돌연변이를 갖거나, 또는 주형과 정확히 매치되도록 인공적으로 제조되거나 또는 사소한 변형을 갖는 상황을 말한다. 인간 서열을 기재로 하는 반합성 분자는 또한 여기서 사용되는 인간으로 간주된다.
- [0038] 삽입
- [0039] 용어 "첨가"로도 알려진, 용어 "삽입"은 부모 분자와 비교하여, 종종 천연적으로 발생하는, 각각, 하나 이상의 아미노산 또는 뉴클레오티드 잔기의 첨가의 결과로 아미노산 또는 뉴클레오티드 서열에서의 변화를 말한다.
- [0040] 내재적 활성
- [0041] 용어 "내재적 활성"은, 여기에 정의되는 바와 같은 결합분자에 적용될 때, 세균과 같은 병원균의 표면에서 특정 단백질 또는 탄수화물 항원에 결합할 수 있고 정상적으로 성장 및 분할하는 병원균의 능력을 막을 수 있는 결합 분자를 말한다. 이와 같은 결합분자는 예를 들면, 세균으로부터 독성 폐기 요소의 성장 또는 이송에 요구되는 특정 영양분의 도입을 차단할 수 있다. 후자의 작용을 통해 항생약물의 작용에 대한 민감성이 증가될 수 있다.
- [0042] 단리
- [0043] 용어 "단리"는, 여기서 정의된 바와 같이 결합분자에 적용될 때, 실질적으로 다른 단백질 또는 폴리펩티드가 없는, 특히 다른 항원 특이성을 갖는 다른 결합 분자가 없고, 또한 실질적으로 다른 세포형 재료 및/또는 화학약품이 없는 결합분자를 말한다. 예를 들면, 결합 분자가 재조합적으로 생산되면, 이들은 바람직하지는 실질적으로 배지가 없고, 결합분자가 화학적 합성에 의해 생산되면, 이들은 바람직하지는 실질적으로 화학적 전구체 또는 다른 화학약품이 없고, 즉 이들은 단백질의 합성에 참여한 화학적 전구체 또는 다른 화학약품으로부터 분리된다. 용어 "단리"는, 여기에 정의된 바와 같이 결합 분자를 암호화하는 핵산 분자에 적용될 때, 결합분자를 암호화하는 뉴클레오티드 서열이, 다른 서열, 특히 장내구균 이외의 결합분자에 결합하는 결합분자를 암호화하는 뉴클레오티드 서열이 없는 핵산분자를 말하는 의도이다. 또한, 용어 "단리된"은 천연숙주에서 천연 핵산 분자를 천연적으로 수반하는 다른 세포형 성분으로부터 실질적으로 분리된 핵산분자를 말한다. 더우기, cDNA와 같은 "단리된" 핵산 분자는 다른 세포물질 또는 재조합 기술에 의해 생산될 때는 배지가 실질적으로 없을 수 있고 또는 화학적으로 합성될 때에는 화학적 전구체 또는 다른 화학약품이 실질적으로 없을 수 있다.
- [0044] 모노클로날 항체
- [0045] 여기서 사용되는 용어 "모노클로날 항체"는 단일 분자 조성물의 항체 분자의 제제를 말한다. 모노클로날 항체는 특정 에피토프에 대해 단일 결합 특이성 및 친화성을 나타낸다. 따라서, 용어 "인간 모노클로날 항체"는 인간 생식계 면역글로불린 서열로부터 유래되거나 또는 기재로 하는 또는 완전히 합성 서열로부터 유래된 가변 및 불변영역을 갖는 단일 결합 특이성을 나타내는 항체를 말한다. 모노클로날 항체의 제조방법은 중요하지 않다.
- [0046] 천연적으로 발생하는
- [0047] 여기서 사용되는 용어 "천연적으로 발생하는"은 대상이 천연적으로 발견될 수 있다는 사실을 말한다. 예를 들면, 천연원으로부터 단리될 수 있는 유기체에 존재하고 실험실에서 사람이 의해 의도적으로 변형되지 않은 폴리펩티드 또는 폴리뉴클레오티드 서열은 천연적으로 발생하는 것이다.
- [0048] 핵산분자
- [0049] 본 발명에 사용되는 용어 "핵산분자"는 뉴클레오티드의 중합형태를 말하고 RNA, cDNA, 게놈성 DNA 및 합성 형태 및 상기의 혼합된 폴리머의 센스 및 안티센스모두를 포함한다. 뉴클레오티드는 리보뉴클레오티드, 데옥시뉴클레오티드 또는 뉴클레오티드의 어느 타입의 변형된 형태를 말한다. 용어는 또한 DNA의 단일- 및 이중-스트랜드 형태를 포함한다. 이에 더하여, 폴리뉴클레오티드는 천연적으로-발생하는 및 천연적으로-발생하는 및/또는 비-천연적으로 발생하는 뉴클레오티드 연결에 의해 함께 연결된 변형된 뉴클레오티드 중 어느 것 또는 모두를 포함할

수 있다. 핵산 분자는 화학적으로 또는 생화학적으로 변형될 수 있거나 또는 비-천연적 또는 유도된 뉴클레오티드 염기를 함유할 수 있고, 본 분야의 당업자들에 의해 쉽게 이해될 것이다. 이와 같은 변형은, 예를 들면, 라벨, 메틸화, 하나 이상의 천연적으로 발생한 뉴클레오티드의 동족체에 의한 치환, 비하전된 연결과 같은 뉴클레오티드간 변형(예를 들면, 메틸 포스포네이트, 포스포트리에스테르, 포스포라미데이트, 카바메이트 등), 하전된 연결(예를 들면, 포스포로티오에이트, 포스포로디티오에이트, 등), 펜던트 모이어티(예를 들면, 폴리펩티드), 삽입물(예를 들면, 아크리딘, 소랄렌, 등), 킬레이터, 알킬레이터, 및 변형된 연쇄를 포함한다. 상기 용어는 또한, 단일-스트랜드, 이중-스트랜드, 특히 이중체, 삼중체, 머리핀형, 환형 및 패드록(padlock) 배치를 포함하는 어느 위상 배치를 포함하는 의도이기도 하다. 또한, 수소결합 및 다른 화학적 상호작용을 통해 고안된 서열에 결합할 수 있는 그들의 능력에서 폴리뉴클레오티드를 모방하는 합성 분자를 포함한다. 이와 같은 분자는 본 분야에 잘 알려져 있고 예를 들면, 펩티드 연쇄가 분자의 골격에서 인산염 연쇄를 대체하는 것을 포함한다. 핵산 서열에 대한 참조는 다르게 명시되지 않는 한 그것의 상보체를 포함한다. 그러므로, 특정 서열을 갖는 핵산 분자에 대한 참조는 그것의 상보체 서열을 갖는, 그것의 상보체 스트랜드를 포함하는 것으로 이해되어야 한다. 상보체 스트랜드는 또한, 예를 들면, 안티센스 치료법, 혼성화 프로브 및 PCR 프라이머에 유용하다.

[0050] 작동적으로 연결된

[0051] 용어 "작동적으로 연결된"은 보통 물리적으로 연결되고 서로 기능적 관계에 있는 2개 이상의 핵산 서열을 말한다. 예를 들면, 프로모터가 암호화 서열의 전사 또는 발현을 개시 또는 조절할 수 있다면, 프로모터는 암호화 서열과 작동적으로 연결되고, 여기서 암호화 서열은 프로모터의 "조절하에 있다"고 이해되어야 한다.

[0052] 흡소닌 활성화

[0053] "흡소닌 활성화"은 특정 항원 인식(항체의 경우) 또는 분자에 결합된 표면의 촉매적 효과(예를 들면, 항체에 결합된 표면의 결과로서 C3b의 증가된 침착)을 통해 병원균의 표면에 결합하기 위한 흡소닌의 능력(일반적으로 항체와 같은 결합분자 또는 혈청 보체 인자)를 말한다. 흡소닌화된 병원균의 식균작용은 흡소닌에 대한 식세포에서의 수용체(항체가 흡소닌인 경우 Fc 수용체이고 보체가 흡소닌인 경우 보체 수용체)의 특이적 인식으로 인해 강화된다. 특정 세균, 특히 캡슐의 존재로 인해 식균작용에 내성을 갖는 캡슐화된 세균은, 흡소닌 항체로 코팅되고 혈류와 감염된 기관으로부터 그들의 세척 속도가 크게 개선되면 호중구와 마크로파지와 같은 식세포에 대해 매우 매력적이 된다. 흡소닌 활성화는 어느 통상의 방법으로 측정될 수 있다(예를 들면, 흡소닌 탐식 사멸 평가).

[0054] 약제학적으로 허용가능한 부형제

[0055] "약제학적으로 허용가능한 부형제"는 약물, 약제와 같은 활성물질과 결합된 어느 불활성 물질 또는 허용가능한 편리한 투여형태를 제조하기 위한 결합 물질을 의미한다. "약제학적으로 허용가능한 부형제"는 투여량 및 적용된 농도에서 수용체에 비-독성이고, 약물, 약제 또는 결합분자를 포함하는 제형의 다른 구성성과 양립할 수 있는 부형제이다.

[0056] 특이적으로 결합하는

[0057] 여기서 사용되는 용어 "특이적으로 결합하는"은, 결합분자, 예를 들면 항체 및 그것의 결합 파트너, 예를 들면 항원의 상호작용을 참조로 하여, 상호작용이 결합 파트너 상의 특정 구조체, 예를 들면 항원성 결정체 또는 에피토프의 존재에 의존한다는 것을 의미한다. 다시 말하면, 항체는 결합 파트너가 다른 분자들 또는 유기체의 혼합물 중에 존재할 때에도 결합 파트너와 우선적으로 결합하거나 인식한다. 결합은 공유 또는 비-공유 결합에 의해 또는 둘 다의 조합에 의해 이루어질 것이다. 또 다시 말하면, 용어 "특이적으로 결합하는"은 항원 또는 그것의 단편에 대해 면역특이적으로 결합하고 다른 항원에는 면역특이적으로 결합하지 않는 것을 의미한다. 항원에 면역특이적으로 결합한 결합분자는, 예를 들면, 방사선면역조사(RIA), 효소-연결 면역흡수 조사(ELISA), BIACORE, 또는 본 분야에 알려진 다른 조사에 의해 측정된 바와 같이, 다른 펩티드 또는 폴리펩티드와는 낮은 친화력으로 결합할 수 있다. 항원에 면역특이적으로 결합하는 결합분자 또는 단편은 관련 항원과 교차-반응될 수 있다. 바람직하기는, 항원과 면역특이적으로 결합하는 결합분자 또는 단편은 다른 항원과 교차-반응하지 않는다.

[0058] 치환

[0059] 여기서 사용되는 "치환"은, 하나 이상의 아미노산 또는 뉴클레오티드가 각각 다른 아미노산 또는 뉴클레오티드에 의해 대체되는 것을 말한다.



[0060] 치료적으로 효과적인 양

[0061] 용어 "치료적으로 효과적인 양"은 장내구균에 의한 감염에 의해 생기는 질환의 예방, 개선 및/또는 치료에 효과적인 것으로 여기에 정의된 바에 따른 결합분자의 양을 말한다.

[0062] 치료

[0063] 용어 "치료"는 예방 뿐 아니라 치료적 처리 또는 치유 또는 정지 또는 적어도 질병의 진행의 지연을 위한 예방적 조치를 말한다. 치료가 필요하다는 것은 장내구균에 의한 감염이 예방되어야 하는 것 뿐 아니라 장내구균에 의한 감염으로 인한 질환이 이미 가해지 것을 포함한다. 장내구균의 감염으로부터 부분적으로 또는 완전히 회복된 개체도 역시 치료가 필요할 수 있다. 예방은 장내구균의 억제 또는 감소 또는 하나 이상의 장내구균에 의한 감염과 관련된 증후군의 개시, 전개 또는 진행의 억제 및 감소를 포함한다.

[0064] 백터

[0065] 용어 "백터"는 복제되어질, 그리고 몇몇 경우에는 발현되어질 숙주에 도입되도록 하기 위해 제2 핵산 분자가 삽입될 수 있는 핵산분자를 말한다. 다시 말하면, 백터는 그것이; 연결되어 있는 핵산 분자를 이송할 수 있다. 발현백터 뿐만 아니라 클로닝 백터는 여기서 사용되는 바와 같이 용어 "백터"에 의해 의도된다. 백터는 플라즈미드, 코스미드, 세균성 인공염색체(BAC) 및 이스트 인조염색체(YAC), 및 박테리오파아지 또는 식물 또는 동물(인간 포함)로부터 유래된 백터를 포함하지만, 이것으로 한정되는 것은 아니다. 백터는 제안된 숙주에 의해 인식된 복제물의 기원 및 발현 백터의 경우, 프로모터와 숙주에 의해 인식된 다른 조절 영역을 포함한다. 제2 핵산 분자를 함유하는 백터는 변형, 트랜스펙션, 또는 바이러스성 도입 메카니즘의 사용에 의해 세포에 도입된다. 어느 백터는 그들이 도입되는 숙주 세포에서 독립적인 복제를 할 수 있다(예를 들면, 복제의 세균성 기원을 갖는 백터는 세균에 복제될 수 있다). 다른 백터는 숙주에 도입된 후 숙주의 계놈으로 통합될 수 있고, 그것에 의해 숙주 계놈에 따라 복제된다.

[0066] 발명의 개요

[0067] 본 발명은 특이적으로 장내구균에 결합할 수 있고 그리고 장내구균에 대한 사멸 및/또는 성장 억제 활성을 나타내는 인간 결합분자를 제공한다. 본 발명은 또한 인간 결합 분자의 최소한 결합 영역을 암호화하는 핵산 분자에 관한 것이다. 본 발명은 추가로 장내구균 염증을 갖거나 감염 전개의 위험이 있는 개체의 예방 및/또는 치료에서의 본 발명의 인간 결합 분자의 사용을 제공한다. 그 외에, 본 발명은 장내구균의 진단/검출에서 본 발명의 인간 결합 분자의 사용에 관한 것이다.

[0068] 발명의 상세한 설명

[0069] 본 발명의 제1면은 장내구균에 특이적으로 결합할 수 있는 결합분자를 포함한다. 바람직하기는, 결합분자는 인간 결합분자이다. 바람직하기는 본 발명의 결합분자는 장내구균 종에 대한 사멸 활성을 나타낸다. 추가의 면에서 본 발명의 결합분자는 적어도 두개의 다른 장내구균 종에 대해 특이적으로 결합할 수 있고 및/또는 사멸 활성을 갖는다. 바람직하기는 본 발명의 결합분자는 적어도 3개, 적어도 4개, 적어도 5개, 적어도 6개, 적어도 7개, 적어도 8개, 적어도 9개, 적어도 10개, 적어도 11개, 적어도 12개, 적어도 13개, 적어도 14개, 적어도 15개, 적어도 16개, 적어도 17개의 다른 장내구균 종에 대해 특이적으로 결합할 수 있고 및/또는 사멸활성을 갖는다. 본 발명의 결합분자가 특이적으로 결합할 수 있고 및/또는 사멸활성을 갖는 장내구균 종은 *E. asini*, *E. avium*, *E. casseliflavus*, *E. cecorum*, *E. columbae*, *E. dispar*, *E. durans*, *E. faecalis*, *E. faecium*, *E. flavescens*, *E. gallinarum*, *E. gilvus*, *E. haemoperxidus*, *E. hirae*, *E. malodoratus*, *E. moraviensis*, *E. mundtii*, *E. pattens*, *E. porcinus*, *E. pseudoavium*, *E. raffinosus*, *E. ratti*, *E. saccharolyticus*, *E. seriolicida*, *E. solitarius*, *E. sulfureus*, *E. villorum*, 이고 *E. faecalis* 및 *E. faecium*이 바람직한 종이다. 한 구현예에서 본 발명의 결합분자는 하나의 장내구균 종 내의 다양한 균주에 특이적으로 결합할 수 있고 사멸 활성을 갖는다. 또 다른 구현예에서, 본 발명의 결합분자는 다음을 포함하지만, 그것으로 제한되는 것은 아닌, 적어도 하나의 다른 그룹-양성 세균 및/또는 그룹-음성 세균에 대해 특이적으로 결합할 수 있고 사멸활성을 갖는다: 그룹 A 연쇄구균; 스트렙토코쿠스 피오케네스(*Streptococcus pyrogenes*), 그룹 B 연쇄구균; 스트렙토코쿠스 아갈락티에(*Streptococcus agalactiae*), 스트렙토코쿠스 밀레리(*Streptococcus milleri*), 스트렙토코쿠스 프네우모니에(*Streptococcus pneumoniae*), 비리단스 스트렙토코키(*Viridans streptococci*); 스트렙토코쿠스 무탄스(*Streptococcus mutans*), 스태필로코쿠스 아우레스(*Staphylococcus aureus*), 스태필로코쿠스 에피더미디스(*Staphylococcus epidermidis*), 코르니박테리움 디프테리예(*Corynebacterium diphtheriae*), 코르니박테리움 울세란스(*Corynebacterium ulcerans*), 코르니박테리움 수도투베르쿨로시스(*Corynebacterium*

*pseudotuberculosis*), 코르니박테리움 제이케이움(*Corynebacterium jeikeium*), 코르니박테리움 제로시스(*Corynebacterium xerosis*), 코르니박테리움 수도디프테리티쿰(*Corynebacterium pseudodiphtheriticum*), 바실루스 안트라시스(*Bacillus anthracis*), 바실루스 세레우스(*Bacillus cereus*), 리스테리아 모노사이토젠스(*Listeria monocytogenes*), 클로스트리듐 퍼프린젠스(*Clostridium perfringens*), 클로스트리듐 테타니(*Clostridium tetani*), 클로스트리듐 보툴리눔(*Clostridium botulinum*), 클로스트리듐 디피실리(*Clostridium difficile*), 미코박테리움 튜베르쿨로시스(*Mycobacterium tuberculosis*), 미코박테리움 리프레(*Mycobacterium leprae*), 악티모니스 이스라엘리(*Actinomyces israelii*), 노르카디아 아스테로이데스(*Norcardia asteroides*), 노르카디아 브라실리엔시스(*Norcardia brasiliensis*), 대장균(*Escherichia coli*), 프로테우스 미라빌리(*Proteus mirabilis*), 프로테우스 불가리스(*Proteus vulgaris*), 클레브시엘라 수모니에(*Klebsiella pneumoniae*), 살모넬라 타이피(*Salmonella typhi*), 살모넬라 파라티피(*Salmonella paratyphi*) A, B 및 C, 살모넬라 엔테리티디스(*Salmonella enteritidis*), 살모넬라 콜레라-수이스(*Salmonella cholerae-suis*), 살모넬라 비르호(*Salmonella virchow*), 살모넬라 티피무리움(*Salmonella typhimurium*), 시겔라 디센테리예(*Shigella dysenteriae*), 시겔라 보이디(*Shigella boydii*), 시겔라 플렉스네리(*Shigella flexneri*), 시겔라 손네이(*Shigella sonnei*), 수도모나스 아에루기노사(*Pseudomonas aeruginosa*), 수도모나스 말레이(*Pseudomonas mallei*), 콜레라균(*Vibrio cholerae*), 장염 비브리오균(*Vibrio parahaemolyticus*), 패혈증비브리오균(*Vibrio vulnificus*), 비브리오 알지놀리티쿠스(*Vibrio alginolyticus*), 캄필로박터 필로리(*Campylobacter pylori*), 헬리코박터 필로리(*Helicobacter pylori*), 캄필로박터 제주니(*Campylobacter jejuni*), 박테로이데즈 프라질리스(*Bacteroides fragilis*), 임균(*Neisseria gonorrhoeae*), 수막염균(*Neisseria meningitidis*), 브란하멜라 카타르할리스(*Branhamella catarrhalis*), 헤모필루스 인플루엔자(*Haemophilus influenzae*), 헤모필루스 듀크레이(*Haemophilus ducreyi*), 브르데텔라 파라퍼투스(*Bordetella pertussis*), 브루셀라 아보르투스(*Brucella abortus*), 브루셀라 멜리텐시스(*Brucella melitensis*), 레기오넬라 프네우모필라(*Legionella pneumophila*), 매독균(*Treponema pallidum*), 트레포네마 카라테움(*Treponema carateum*), 렙토스피라 인테로간스(*Leptospira interrogans*), 담수렙토스피라(*Leptospira biflexa*), 재귀열균(*Borrelia recurrentis*), 보르렐리아 부르그도르페리(*Borrelia burgdorferi*), 폐렴미코플라스마(*Mycoplasma pneumoniae*), 콕시엘라 부르네티(*Coxiella burnetii*), 클라미디아 트라코마티스(*Chlamydia trachomatis*), 크라미디아 프시타시(*Chlamydia psittaci*), 폐렴클라미디아(*Chlamydia pneumoniae*). 본 발명의 결합분자는 장내구균 및 임의로 생육력 있고, 살아있고 및/또는 감염성 있거나 또는 불활성화된/약독된 형태의 다른 그램-양성 및/또는 그램-음성 세균에 특이적으로 결합할 수 있다. 세균을 불활성화/약독화하는 방법은 본 분야에 잘 알려져 있고, 항생물질 처리, UV 처리, 포름알데이스 처리 등을 포함하지만, 이것으로 제한되는 것은 아니다.

[0070] 본 발명의 결합분자는 그중에서도 장내구균으로부터 유래된 하나 이상의 단백질 및/또는 (폴리)펩티드 또는 하나 이상의 재조합적으로 생산된 장내구균 단백질 및/또는 펩티드와 같은, 장내구균(그리고 다른 그램-양성 및/또는 그램-음성 세균)의 하나 이상의 단편에 특이적으로 결합할 수 있다. 장내구균 감염의 치료 및/또는 예방법에 대해, 결합분자는 바람직하기는 장내구균의 표면 접근성 단백질에 특이적으로 결합할 수 있다. 진단 목적을 위해, 결합분자는 장내구균의 표면에 존재하지 않는 단백질에 특이적으로 결합할 수 있다. 여러 장내구균 종과 균주의 단백질의 뉴클레오티드 및/또는 아미노산 서열은 GenBank-데이터베이스, EMBL-데이터베이스 및/또는 다른 데이터베이스에서 발견할 수 있다. 각각의 데이터베이스에서 이와 같은 서열을 찾는 것은 당업자가 할 수 있다.

[0071] 선택적으로, 본 발명의 결합분자는, 식세포성 탐식을 억제하는 표면인자; 식세포에서 그들의 생존을 강화하는 인자; 진핵세포막을 용해시키는 인바진(invasins); 숙주 조직을 손상시키고 또는 그렇지 않으면 질병의 증상을 자극하는 외독소; 다당류; 테이코산, 리포테이코산, 리비톨, 펩티도글리칸, 펜타글리신 올리고펩티드, N-아세틸글로코사민, N-아세틸무람산, N-아세틸갈락토사민우론산, N-아세틸프로코사민, N-아세틸클루코사미노론산, N-아세틸만노스아미우론산, O-아세틸, 글루코사민, 뮤라믹산, 갈락토사미우론산, 퓨코사민, 글루코사미우론산, 만노사민우론산 및 이들 성분 들 사이의 결합 유닛을 포함하는, 다른 장내구균 분자에 특이적으로 결합할 수 있지만, 이것으로 제한되는 것은 아니다.

[0072] 또 다른 구현예에서, 본 발명의 결합 분자는 상기 단백질 및/또는 다른 분자의 단편에 특이적으로 결합할 수 있고, 여기서 상기 단편은 적어도 본 발명의 결합분자에 의해 인식되는 항원성 결정기를 포함할 수 있다. 여기서 사용되는 "항원성 결정기"는, 검출가능한 항원-결합 분자 복합체를 형성하기에 충분히 고친화적으로 본 발명의 결합분자에 결합할 수 있는 모이어티이다.

[0073] 본 발명에 따른 결합분자는 폴리클로날 또는 모노클로날 항체와 같은 완전한 면역글로불린 분자일 수 있고, 또

는 결합분자는 Fab, F(ab')<sub>2</sub>, Fv, dAb, Fd, 상보적 결정영역(CDR) 단편, 단일-사슬 항체(scFv), 이가 단일-사슬 항체, 단일-사슬 파아지 항체, 다이아바디, 트리아바디, 테트라바디 및 적어도 장내구균 또는 그것의 단편에 특이적 항원을 제공하기에 충분한 면역글로불린의 단편을 함유하는 (폴리)펩티드를 포함하는 항원-결합 단편일 수 있지만, 이것으로 제한되는 것은 아니다. 바람직한 구현예에서, 본 발명의 결합분자는 인간 모노클로날 항체이다.

[0074] 본 발명의 결합분자는 비-단리된 또는 단리된 형태로 사용될 수 있다. 더욱이, 본 발명의 결합 분자는 단독으로 또는 적어도 하나의 본 발명의 결합분자(또는 그것의 변이체 또는 단편)를 포함하는 혼합물로 사용될 수 있다. 다시 말하면, 결합분자는 조합물, 예를 들면, 두개 이상의 본 발명의 결합분자, 변이체 또는 그것의 단편을 포함하는 약제학적 조성물로 사용될 수 있다. 예를 들면, 다른, 그러나 상보적 활성을 갖는 결합 분자들은 원하는 예방, 치료 또는 진단 효과를 얻기 위해 단일 치료법에 조합될 수 있지만, 선택적으로, 동일한 활성을 갖는 결합분자들도 역시 원하는 예방, 치료 또는 진단 효과를 얻기 위해 단일 치료법에 조합될 수 있다. 임의로, 혼합물은 추가로 적어도 하나의 다른 치료제를 포함할 수 있다. 바람직하기는, 치료제는 장내구균 감염의 예방 및/또는 치료에 유용하다.

[0075] 통상적으로, 본 발명에 따른 결합분자는 그들의 결합 파트너, 즉 장내구균 또는 그것의 단편에  $0.2 \times 10^{-4} \text{M}$ ,  $1.0 \times 10^{-5} \text{M}$ ,  $1.0 \times 10^{-6} \text{M}$ ,  $1.0 \times 10^{-7} \text{M}$  미만, 바람직하기는  $1.0 \times 10^{-8} \text{M}$  미만, 더욱 바람직하기는  $1.0 \times 10^{-9} \text{M}$  미만, 더욱 바람직하기는  $1.0 \times 10^{-10} \text{M}$  미만, 더욱 바람직하기는  $1.0 \times 10^{-11} \text{M}$  미만, 및 가장 바람직하기는  $1.0 \times 10^{-12} \text{M}$  미만의 친화력 상수(Kd-값)로 결합할 수 있다. 친화력 상수는 항체 이소타입에 따라 변할 수 있다. 예를 들면, IgM 이소타입의 결합친화력은 적어도  $1.0 \times 10^{-7} \text{M}$ 의 결합 친화력을 말한다. 결합 친화력은 예를 들면, 표면 플라즈몬 공명, 즉, 예를 들면 BIACORE 시스템(Pharmacia Biosensor AB, Uppsala, Sweden)을 사용하여 측정될 수 있다.

[0076] 본 발명에 따른 결합 분자는 예를 들면, 샘플에서 및 현탁액에서와 같이 가용성 형태로 장내구균 또는 그것의 단편에 결합될 수 있고, 또는 미세 역가 플레이트, 막 및 비드 등과 같은 담체 또는 기질에 결합 또는 부착된 장내구균 또는 그것의 단편에 결합될 수 있다. 담체 또는 기질은 유리, 플라스틱(예를 들면 폴리스티렌), 다당류, 나일론, 니트로셀룰로스, 또는 테프론 등으로 이루어질 수 있다. 이와 같은 지지체의 표면은 고흡 또는 다공성일 수 있고 어느 통상의 형태일 수 있다. 또한, 결합분자는 순수/단리 또는 비-순수/비-단리된 형태로 장내구균에 결합될 수 있다.

[0077] 본 발명의 결합분자는 사멸활성을 나타낸다. 여기서 의미하는 사멸활성은 흡소닌 활성 또는 세균, 예를 들면 장내구균의 식균작용 및/또는 식세포성 사멸을 증가시키고/증대시키고/강화하는 다른 활성; 고유의 (사멸)활성, 예를 들면, 세균 성장을 감소 또는 억제하거나 직접 세균을 사멸; 항생물질 치료에 대한 세균의 민감성 증가; 또는 그들의 조합을 포함하지만, 이것으로 제한되는 것은 아니다. 흡소닌 활성은 예를 들면 본 명세서에 기재된 바와 같이 측정될 수 있다. 흡소닌 활성을 측정하는 선택적인 평가는 예를 들면, Manual of Molecular and Clinical Laboratory Immunology, 7th Edition에 기재된다. 언급된 활성을 측정하는 다른 평가법도 또한 알려져 있다.

[0078] 바람직한 구현예에서, 본 발명에 따른 결합 분자는 적어도 하나의 CDR3 영역, 바람직하기는 중쇄 CDR3 영역을 포함하고, 이것은 SEQ ID NO:3, SEQ ID NO:9, SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO:21, SEQ ID NO:27, SEQ ID NO:33, SEQ ID NO:39, SEQ ID NO:45, SEQ ID NO:51, SEQ ID NO:57, SEQ ID NO:196, SEQ ID NO:202, SEQ ID NO:220, SEQ ID NO:226, SEQ ID NO:232, SEQ ID NO:238, SEQ ID NO:244, SEQ ID NO:250, SEQ ID NO:256, SEQ ID NO:262, SEQ ID NO:268, SEQ ID NO:274, SEQ ID NO:280, SEQ ID NO:286, SEQ ID NO:292, SEQ ID NO:298, SEQ ID NO:304, SEQ ID NO:310, SEQ ID NO:316, SEQ ID NO:322, SEQ ID NO:328, SEQ ID NO:334, SEQ ID NO:340, 및 SEQ ID NO: 346로 이루어진 군으로부터 선택되는 아미노산 서열을 포함한다. 본 발명의 결합분자의 CDR 영역은 표 11에 나타내었다. CDR 영역은 Sequences of Proteins of Immunological Interest, US Dept. Health and Human Services, NIH, USA (fifth edition)에 기재된 바와 같이 Kabat et al. (1991)에 따른다. 한 구현예에서, 결합분자는 본 발명의 결합분자의 2개, 3개, 4개, 5개 또는 6개 모두의 CDR 영역을 포함할 수 있다.

[0079] 또 다른 구현예에서, 본 발명에 따른 결합 분자는 SEQ ID NO:82, SEQ ID NO:84, SEQ ID NO:86, SEQ ID NO:88, SEQ ID NO:90, SEQ ID NO:92, SEQ ID NO:94, SEQ ID NO:96, SEQ ID NO:98, SEQ ID NO:100, SEQ ID NO:211, SEQ ID NO:213, SEQ ID NO:395, SEQ ID NO:397, SEQ ID NO:399, SEQ ID NO:401, SEQ ID NO:403, SEQ ID NO:405, SEQ ID NO:407, SEQ ID NO:409, SEQ ID NO:411, SEQ ID NO:413, SEQ ID NO:415, SEQ ID NO:417, SEQ

ID NO:419, SEQ ID NO:421, SEQ ID NO:423, SEQ ID NO:425, SEQ ID NO:427, SEQ ID NO:429, SEQ ID NO:431, SEQ ID NO:433, SEQ ID NO:435, 및 SEQ ID NO:437로 이루어진 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 가변 중사슬을 포함하는 중사슬을 포함한다. 추가의 구현예에서, 본 발명에 따른 결합분자는 SEQ ID NO: 102, SEQ ID NO: 104, SEQ ID NO: 106, SEQ ID NO: 108, SEQ ID NO:110, SEQ ID NO:112, SEQ ID NO:114, SEQ ID NO:116, SEQ ID NO:118, SEQ ID NO:120, SEQ ID NO:215, SEQ ID NO:217, SEQ ID NO:439, SEQ ID NO:441, SEQ ID NO:443, SEQ ID NO:445, SEQ ID NO:447, SEQ ID NO:449, SEQ ID NO:451, SEQ ID NO:453, SEQ ID NO:455, SEQ ID NO:457, SEQ ID NO:459, SEQ ID NO:461, SEQ ID NO:463, SEQ ID NO:465, SEQ ID NO:467, SEQ ID NO:469, SEQ ID NO:471, SEQ ID NO:473, SEQ ID NO:475, SEQ ID NO:477, SEQ ID NO:479, 및 SEQ ID NO:481로 이루어진 군 으로부터 선택되는 아미노산 서열의 가변 경사슬을 포함하는 경사슬을 포함한다. 표 12은 본 발명의 결합분자의 중사슬 및 경사슬 가변 영역을 명시한다.

[0080] 본 발명의 추가의 면은 여기에 정의된 바와 같은 결합분자의 기능적 변이체를 포함한다. 분자들은, 변이체들이 장내구균 (또는 다른 그램-양성 및/또는 그램-음성 세균) 또는 그것의 단편에 특이적으로 결합하기 위해 부모 결합분자와 경쟁할 수 있다면, 본 발명에 따른 결합 분자의 기능적 변이체라고 간주된다. 다시 말하면, 기능적 변이체가 장내구균 또는 그것의 단편에 여전히 결합할 수 있다. 바람직하기는 기능적 변이체는 부모 인간 결합 분자에 의해 특이적으로 결합하는 적어도 두개 (이상)의 다른 장내구균 중 또는 그것의 단편에 특이적으로 결합 하도록 경쟁할 수 있다. 더우기, 분자는 부모 결합분자가 사멸 활성을 나타내는 장내구균, 바람직하기는 적어도 두개(이상)의 장내구균 중에 대해 사멸활성을 갖는다면, 본 발명에 따른 결합분자의 기능적 변이체로 간주된다. 또 다른 구현예에서 본 발명에 따른 결합분자는 또한 다른 그램-양성 및/또는 그램-음성 세균에 대해 사멸활성 을 갖는다. 기능적 변이체는 1차 구조적 서열이 실질적으로 유사한 유도체들을 포함하지만, 이것으로 제한되는 것은 아니고, 그러나 예를 들면 인 비트로 또는 인 비보 변형, 화학약품 및/또는 생화학 약품을 포함하며, 이들 은 부모 결합분자에서는 발견되지 않는다. 이와 같은 변형에는 무엇보다도, 아세틸화, 아실화, 뉴클레오티드 또 는 뉴클레오티드 유도체의 공유결합, 지질 또는 지질 유도체의 공유결합, 가교, 이황화결합 형성, 글리코실화, 수산화, 메틸화, 산화, 폐길화, 단백질분해, 인산화 등을 포함한다.

[0081] 선택적으로, 기능적 변이체는 부모 결합분자의 아미노산 서열과 비교하여 하나 이상의 아미노산의 치환, 삽입, 결실 또는 그들의 조합을 함유하는 아미노산 서열을 포함하는 본 발명에 정의된 바와 같은 결합분자일 수 있다. 더우기, 기능적 변이체는 아미노 또는 카르복시 말단 어느 것 또는 모두에서 아미노산 서열의 절단체 (truncation)를 포함할 수 있다. 본 발명에 따른 기능적 변이체는 부모 결합분자와 비교하여 동일하거나 다른, 더 높거나 낮은 결합 친화력을 가질 수 있지만, 여전히 장내구균 또는 그것의 단편에 결합할 수 있다. 예를 들 면, 본 발명에 따른 기능적 변이체는 부모 결합 분자와 비교하여 장내구균 또는 그것의 단편에 대해 증가된 또 는 감소된 결합 친화력을 가질 수 있다. 바람직하기는 골격구조, 초가변(hypervariable) 영역, 특히 CDR3 영역 을 포함하지만, 이것으로 제한되는 것은 아닌 가변 영역의 아미노산 서열이 변형된다. 일반적으로, 경사슬 및 중사슬 가변 영역은 3개의 CDR을 포함하는, 3개의 초가변 영역 및 더욱 보존된 영역, 소위 골격 영역(FRs)을 포 함한다. 초가변 영역은 CDR로부터의 아미노산 잔기와 초가변 루프로부터의 아미노산 잔기를 포함한다. 본 발명 의 범위에 속하기 위한 기능적 변이체는 본 명세서에 정의된 바와 같은 부모 결합 분자와, 적어도 약 50%~약 99%, 바람직하기는 적어도 약 60% ~ 약 99%, 더욱 바람직하기는 적어도 약 70% ~ 약 99%, 더욱 바람직하기는 적 어도 약 80% ~ 약 99%, 더욱 바람직하기는 약 90% ~ 약 99%, 특히 적어도 약 95% ~ 99%, 및 특히 적어도 약 97% ~ 약 99% 아미노산 서열 동질성을 갖는다. 컴퓨터 알고리즘, 무엇보다도 본 분야의 당업자들에게 알려진 Gap 또는 Bestfit를, 비교되어질 아미노산 서열을 최적으로 배열하고 유사하거나 또는 동일한 아미노산 잔기를 정의하기 위해 사용할 수 있다. 기능적 변이체는 부모 결합분자 또는 그것의 일부를, 오류가 많은 PCR, 올리고 머뉴클레오티드-지향 돌연변이생성 및 부위-지향 돌연변이생성을 포함하는 공지의 일반 분자생물학적 방법에 의 해 변화시킴으로써 얻을 수 있지만, 이것으로 제한되는 것은 아니다. 구현예에서 본 발명의 기능적 변이체는 장 내구균에 대한 사멸활성을 갖는다. 사멸활성은 부모 결합분자와 비교하여 동일하거나 또는 더 높거나 낮을 수 있다. 또한, 사멸활성을 갖는 기능적 변이체는 장내구균 대조에서 적합한 추가의 활성을 가질 수 있다. 다른 활 성은 위에 언급하였다. 지금까지, 용어 (인간) 결합분자가 사용되면, 이것은 또한 (인간) 결합분자의 기능적 변 이체를 포함한다.

[0082] 본 발명은 적어도 두개의 다른 장내구균 중에 대해 그리고 황색 포도상구균의 적어도 하나의 균주에 대해 옅소 닌 탐식 사멸활성을 갖는 유용한 인간 모노클로날 항체의 패널을 제공한다. 본 발명의 항체는 여기에 기재된 바 와 같은 다음 항체: CR5140 (SEQ ID NO's 395 + 439), CR5157 (SEQ ID NO's 397 + 441), CR6016 (SEQ ID NO's 88 + 108), CR6043 (SEQ ID NO's 90 + 110), CR6050 (SEQ ID NO's 401 + 445), CR6078 (SEQ ID NO's 96 + 116), CR6087 (SEQ ID NO's 211 + 215), CR6089 (SEQ ID NO's 213 + 217), CR6241 (SEQ ID NO's 98 + 118),

CR6252 (SEQ ID NO's 100 + 120), CR6388 (SEQ ID NO's 421 + 465), CR6389 (SEQ ID NO's 423 + 467), CR6396 (SEQ ID NO's 425 + 469), CR6402 (SEQ ID NO's 427 + 471), CR6409 (SEQ ID NO's 429 + 473), CR6415 (SEQ ID NO's 431 + 475), CR6421 (SEQ ID NO's 433 + 477) 또는 CR6429 (SEQ ID NO's 435 + 479) 그리고 그것과 적어도 80%, 바람직하기는 적어도 90%, 더욱 바람직하기는 적어도 95% 동일한 항체 중 어느 하나의 가변 영역을 포함한다. 바람직하기는 완전 항체의 서열은 여기에 기재된 이들 항체의 서열과 적어도 80%, 더욱 바람직하기는 적어도 90%, 더욱 바람직하기는 적어도 95% 동일하다. 이들 항체는 적어도 2개의 다른 장내구균 종(*E. faecalis* 및 *E. faecium*를 포함)에 대해 옥소닌 탐식 활성을 갖는 것으로 보인다. 놀랍기는, 이들 항체는 또한 *S. aureus* (균주 502, 그리고 몇몇 항체에 대해(CR6252, CR6415, CR6421) 이것은 *S. epidemidis* 균주 RP62A에 대해 뿐만 아니라 *S. aureus*의 균주 Numan에 대해서도 반응성으로 보인다)에 대해서도 반응성이고, 그러므로 치료적 용도에 넓은 특이성과 넓은 잡재력을 갖는다. 이들 항체는 *S. aureus*의 LTA에 결합하지 않고, 이것은 *S. aureus*의 세포벽의 주요 구성성분 중 하나이다. 특정 구현예에서, 그러므로 본 발명의 항체는 *S. aureus*의 LTA에 특이적으로 결합하지 않는다. 본 발명은 또한 적어도 2개, 적어도 3개, 적어도 4개, 적어도 5개 또는 그 이상의 본 발명의 인간 모노클로날 항체를 포함하는 조성물을 제공한다. 바람직한 구현예에서 조성물 중 상기 항체의 적어도 2개는 다른 표적기로부터이다. 물론, 더 높은 친화성을 갖는 돌연변이 또는 다른 이점을 갖는 돌연변이가 본명세서에 기재된 항체의 서열을 기준으로, 일반적인 방법에 따라 제조될 수 있다. 이와 같이 개선된 항체는, 중사슬과 경사슬의 가변 영역이 기재된 항체의 가변 영역의 서열에 적어도 80%, 바람직하기는 적어도 90%, 더욱 바람직하기는 적어도 95% 동일할 때, 본 발명의 범위에 속한다.

[0083] 또 다른 면에서, 본 발명은 면역컨쥬게이트, 즉 여기서 정의된 바와 같은 적어도 하나의 결합 분자 또는 그것의 기능적 변이체를 포함하고 그리고 추가로, 무엇보다도 검출가능 모이어티/약제와 같은, 적어도 하나의 태그를 포함하는 분자를 포함한다. 또한, 본 발명에서 고려되는 것은 본 발명에 따른 면역컨쥬게이트의 혼합물 또는 본 발명에 따른 적어도 하나의 면역 컨쥬게이트와 치료적 약제 또는 또 다른 결합 분자와 같은 다른 분자 또는 면역컨쥬게이트의 혼합물이다. 추가의 구현예에서, 본 발명의 면역컨쥬게이트는 하나 이상의 태그를 포함할 수 있다. 이들 태그들은 동일하거나 또는 서로 구별할 수 있고 결합분자에 비-공유적으로 연결/컨쥬게이트 될 수 있다. 태그는 또한 공유결합을 통해 인간 결합분자에 직접적으로 연결/컨쥬게이트될 수 있다. 선택적으로, 태그(들)는 하나 이상의 연결화합물에 의해 결합분자에 연결/컨쥬게이트될 수 있다. 태그를 결합분자에 컨쥬게이트 하는 기술은 당업자들에게 잘 알려져 있다.

[0084] 본 발명의 면역컨쥬게이트의 태그는 치료적 약제일 수 있지만, 바람직하기는 이들은 검출가능한 모이어티/약제이다. 치료 및/또는 예방에 적합한 태그는 독소 또는 그것의 기능적 일부, 항체, 효소, 식균작용 또는 면역 자극을 강화하는 다른 결합분자일 수 있다. 검출가능한 약제를 포함하는 면역컨쥬게이트는 진단적으로 사용될 수 있다. 예를 들면, 개체가 장내구균에 의해 감염되었는지를 평가하거나 또는 임상적 시험과정의 일부로서 장내구균 감염의 전개 또는 진행을 모니터링하기 위해, 예를 들면 제공된 치료 처방계획의 효용성을 결정하기 위해, 진단적으로 사용될 수 있다. 그러나, 이들은 또한 다른 검출 및/또는 분석 및/또는 진단목적에 의해 사용될 수 있다. 검출가능한 모이어티/약제는 효소, 보결분자단, 형광물질, 발광물질, 생물발광물질, 방사성 물질, 양전자 방출금속, 및 비방사성 파라마그네틱 금속이온을 포함하지만, 이것으로 제한되는 것은 아니다. 검출 및/또는 분석 및/또는 진단 목적을 위해 결합분자를 라벨하는데 사용되는 태그는 특정 검출/분석/진단 기술 및/또는 사용되는 방법, 그중에서도 (조직)샘플의 면역조직화학적 염색, 유동세포계측법, 주사레이저세포계측법, 형광면역분석, 효소-연결 면역흡착제 분석(ELISA's), 방사면역분석(RIA's), 생검 (예를 들면 중화분석), 웨스턴 블로팅 응용법 등에 의존한다. 본 분야에 알려진 검출/분석/진단 기술 및/또는 방법에 적합한 라벨은 당업자에게 알려져 있다.

[0085] 더욱이, 본 발명의 인간 결합분자 또는 면역컨쥬게이트는 고체 담체에 부착될 수 있고, 이것은 특히 장내구균 또는 그것의 단편의 인 비트로 면역조사 또는 정제에 유용하다. 이와 같은 고체 담체는 다공성 또는 비다공성, 평면 또는 비-평면일 수 있다. 본 발명의 결합분자는 정제를 용이하게 하는 펩티드와 같은, 마커 서열에 융합될 수 있다. 예를 들면, 핵사-히스티딘 태그, 헤마글루티닌(HA) 태그, myc 태그 또는 flag 태그를 포함하지만, 이것으로 제한되는 것은 아니다. 선택적으로 항체는 항체 헤테로컨쥬게이트를 형성하기 위해 제2 항체에 컨쥬게이트될 수 있다. 또 다른 면에서, 본 발명의 결합분자는 하나 이상의 항원에 컨쥬게이트/부착될 수 있다. 바람직하기는, 이들 항원은 결합분자-항원 컨쥬게이트가 투여될 개체의 면역시스템에 의해 인식되는 항원이다. 항원들은 동일할 수 있지만 서로 다를 수도 있다. 항원과 결합분자를 부착하기 위한 컨쥬게이션 방법은 본 분야에 알려져 있고, 가교제의 사용을 포함하지만, 이것으로 제한되는 것은 아니다. 본 발명의 결합분자는 장내구균에 결합되고 결합분자에 부착된 항원은 컨쥬게이트 상에 강력한 T-세포 공격을 개시할 것이고, 이것은 결국 장내구균

의 파괴를 가져올 것이다.

- [0086] 직접 또는 간접적으로, 예를 들면, 링커를 통해, 킨주게이트에 의해 화학적으로 면역킨주게이트를 생성한 다음, 면역 킨주게이트는 본 발명의 결합분자와 적합한 태그를 포함하는 융합 단백질로서 생산될 수 있다. 융합단백질은 본 분야에 알려진 방법 예를 들면, 알맞은 태그를 암호화하는 뉴클레오티드 서열을 갖는 결합분자를 암호화하는 뉴클레오티드 서열을 포함하는 핵산 분자를 구조화하고 그리고 나서 핵산분자를 발현함으로써 재조합적으로 생산될 수 있다.
- [0087] 본 발명의 또 다른 면은 적어도 본 발명에 따른 결합분자, 기능적 변이체 또는 면역 킨주게이트를 암호화하는 핵산분자를 제공하는 것이다. 이와 같은 핵산 분자는 클로닝 목적을 위한 중간체로서, 예를 들면 상기 친화성 성숙의 과정에 사용될 수 있다. 바람직한 구현예에서, 핵산분자는 단리되거나 또는 정제된다.
- [0088] 당업자는 이들 핵산분자의 기능적 변이체가 본 발명의 일부로서 의도된다는 것을 이해할 것이다. 기능적 변이체는, 부모 핵산분자로부터 번역된 것과 동일한 아미노산 서열을 제공하기 위해, 표준 유전자코드를 사용하여 직접적으로 번역될 수 있는 핵산서열이다.
- [0089] 바람직하기는, 핵산분자는 CDR3 영역, 바람직하기는 SEQ ID NO:3, SEQ ID NO:9, SEQ ID NO:15, SEQ ID NO:21, SEQ ID NO:27, SEQ ID NO:33, SEQ ID NO:39, SEQ ID NO:45, SEQ ID NO:51, SEQ ID NO:57, SEQ ID NO:196, SEQ ID NO:202, SEQ ID NO:220, SEQ ID NO:226, SEQ ID NO:232, SEQ ID NO:238, SEQ ID NO:244, SEQ ID NO:250, SEQ ID NO:256, SEQ ID NO:262, SEQ ID NO:268, SEQ ID NO:274, SEQ ID NO:280, SEQ ID NO:286, SEQ ID NO:292, SEQ ID NO:298, SEQ ID NO:304, SEQ ID NO:310, SEQ ID NO:316, SEQ ID NO:322, SEQ ID NO:328, SEQ ID NO:334, SEQ ID NO:340, 및 SEQ ID NO:346으로 이루어진 군으로부터 선택되는 아미노산 서열을 포함하는, 중사슬 CDR3 영역을 포함하는 결합분자를 암호화한다. 추가의 구현예에서, 핵산분자는 본 발명의 결합분자의 CDR 영역을 2개, 3개, 4개, 5개, 또는 6개 모두를 포함하는 결합분자를 암호화한다.
- [0090] 또 다른 구현예에서, 핵산분자는 SEQ ID NO:82, SEQ ID NO:84, SEQ ID NO:86, SEQ ID NO:88, SEQ ID NO:90, SEQ ID NO:92, SEQ ID NO:94, SEQ ID NO:96, SEQ ID NO:98, SEQ ID NO:100, SEQ ID NO:211, SEQ ID NO:213, SEQ ID NO:395, SEQ ID NO:397, SEQ ID NO:399, SEQ ID NO:401, SEQ ID NO:403, SEQ ID NO:405, SEQ ID NO:407, SEQ ID NO:409, SEQ ID NO:411, SEQ ID NO:413, SEQ ID NO:415, SEQ ID NO:417, SEQ ID NO:419, SEQ ID NO:421, SEQ ID NO:423, SEQ ID NO:425, SEQ ID NO:427, SEQ ID NO:429, SEQ ID NO:431, SEQ ID NO:433, SEQ ID NO:435, 및 SEQ ID NO:437로 이루어진 군으로부터 선택되는 아미노산 서열의 가변 중사슬을 포함하는 중사슬을 포함하는 결합분자를 암호화한다. 또 다른 구현예에서, 핵산분자는 SEQ ID NO: 102, SEQ ID NO: 104, SEQ ID NO: 106, SEQ ID NO: 108, SEQ ID NO:110, SEQ ID NO:112, SEQ ID NO:114, SEQ ID NO:116, SEQ ID NO:118, SEQ ID NO:120, SEQ ID NO:215, SEQ ID NO:217, SEQ ID NO:439, SEQ ID NO:441, SEQ ID NO:443, SEQ ID NO:445, SEQ ID NO:447, SEQ ID NO:449, SEQ ID NO:451, SEQ ID NO:453, SEQ ID NO:455, SEQ ID NO:457, SEQ ID NO:459, SEQ ID NO:461, SEQ ID NO:463, SEQ ID NO:465, SEQ ID NO:467, SEQ ID NO:469, SEQ ID NO:471, SEQ ID NO:473, SEQ ID NO:475, SEQ ID NO:477, SEQ ID NO:479, 및 SEQ ID NO:481로 이루어진 군으로부터 선택되는 아미노산의 가변 경사슬을 포함하는 경사슬을 포함하는 결합분자를 암호화한다.
- [0091] 본 발명의 다른 면은 벡터, 즉 본 발명에 따른 하나 이상의 핵산 분자를 포함하는 핵산 구조물을 제공하는 것이다. 벡터는 플라스미드, 그중에서도 F, R1, RP1, Co1, pBR322, TOL, Ti 등; 코스미드; 램다, 램다이드 (lambdoid), M13, Mu, P1 P22, Q $\mu$ , T-even, T2, T4, T7 등과 같은 파아지; 식물 바이러스로부터 유래될 수 있다. 벡터는 본 발명의 결합분자의 클로닝 및/또는 발현에 사용될 수 있고 그리고 유전자 치료목적으로도 사용될 것이다. 하나 이상의 발현-조절 핵산분자에 작동적으로 연결된 본 발명에 따른 핵산분자를 하나 이상 포함하는 벡터는 또한 본 발명의 범위이다. 벡터의 선택은 다음의 재조합 과정과 사용되는 숙주에 따른다. 숙주세포로의 벡터의 도입은 무엇보다도, 인산칼슘 트랜스펙션, 바이러스 감염, DEAE-텍스트란 조절 트랜스펙션, 리포펙타민 트랜스펙션 또는 전기영동법에 의해 수행될 수 있다. 벡터는 자율적으로 복제되거나 또는 그들이 집적되어 있는 염색체와 함께 복제될 수 있다. 바람직하기는, 벡터는 하나 이상의 선택 마커를 함유한다. 마커의 선택은 선택된 숙주세포에 의존하며, 이것이 본 분야의 당업자에게 알려진 바와 같이 본 발명에 결정적인 것은 아니다. 그들은 카나마이신, 네오마이신, 퓨로마이신, 히드로마이신, 제오신, 헤르페스 단순 바이러스로부터의 티미딘 키나제 유전자(HSV-TK), 마우스로부터의 디히드로폴레이트 리덕타제 유전자(dhfr)을 포함하지만, 이것으로 제한되는 것은 아니다. 인간 결합분자를 단리하는데 사용될 수 있는 단백질 또는 펩티드를 암호화하는 하나 이상의 핵산분자에 작동적으로 연결된 상기와 같은 결합분자를 암호화하는 하나 이상의 핵산분자를 포함하는 벡터는 또한 본 발명에 속한다. 이들 단백질 또는 펩티드는 글루타티온-S-트랜스퍼라제, 말토스 결합 단백질, 금속-결합

폴리히스티딘, 녹색형광 단백질, 루시페라제 및 베타-갈락토시다제를 포함하지만, 이것으로 제한되는 것은 아니다.

[0092] 상기 벡터의 하나 이상의 사본을 함유하는 숙주는 본 발명의 추가의 대상이다. 바람직하기는, 숙주는 숙주세포이다. 숙주세포는 포유동물, 식물, 곤충, 균류 또는 세균성 기원의 세포를 포함하지만, 이것으로 제한되는 것은 아니다. 세균성 세포는 *E. Coli* 및 *Pseudomonas*와 같은 *Escherichia* 속의 여러 종과 같은 그람-성 세균으로부터의 세포 또는 그람 음성 세균으로부터의 세포를 포함하지만, 이것으로 한정되는 것은 아니다. 균류 세포의 군에서 바람직하기는 이스트 세포가 사용된다. 이스트에서의 발현은 무엇보다도 *Pichia pastoris*, *Saccharomyces cerevisiae* 및 *Hansenula polymorpha*와 같은 이스트 균주를 사용하여 얻어질 수 있다. 더우기, 초과리 및 Sf9의 세포와 같은 곤충 세포가 숙주 세포로 사용될 수 있다. 그 외에, 숙주세포는 산림식물과 같은 작물의 세포와 같은 식물 세포일 수 있고, 또는 곡물 또는 약용식물과 같은 음식 또는 원료를 제공하는 식물의 세포, 또는 관상용식물의 세포 또는 화초구근작물의 세포일 수 있다. 변형(유전자변형) 식물 또는 식물 세포는, 예를 들면 아그로박테리움-매개 유전자 전이, 잎 디스크의 변형, 폴리에틸렌 글리콜-유도 DNA 전이에 의한 원형질체 변형, 전기영동, 고주파분해, 현미주사 또는 불리식틱 유전자 전이와 같은 공지의 방법에 의해 생산될 수 있다. 추가적으로, 알맞은 발현 시스템은 바쿨로바이러스 시스템일 수 있다. 차이니즈 햄스터 난소(CHO) 세포, COS 세포, BHK 세포 또는 마우스(Bowes) 흑색종 세포를 사용한 발현 시스템이 본 발명에 바람직하다. 포유동물 세포는 발현된 단백질에 포유동물 기원의 천연 분자와 거의 유사한 후번역 변형을 제공한다. 본 발명은 인간에게 투여될 수 있는 분자를 다루기 때문에, 완전 인간 발현 시스템이 특히 바람직할 것이다. 그러므로, 더욱 바람직하기는, 숙주 세포는 인간세포이다. 인간 세포의 예는 무엇보다도 HeLa, 911, AT1080, A549, 293 및 HEK293T 세포이다. 바람직한 구현예에서, 인간 프로듀서 세포는 발현 포맷에서 아데노바이러스 E1 영역을 암호화하는 핵산 서열의 적어도 기능적 일부를 포함한다. 더욱 바람직한 구현예에서, 상기 숙주 세포는 인간 망막세포로부터 유래되고 European Collection of Cell Cultures(ECACC), CAMR, Salisbury, Wiltshire SP4 OJG, Great Britain에 기탁 번호 96022940으로 1996년 2월 29일자로 기탁되고 상표명 PER.C6<sup>®</sup>(PER.C6는 크루셀 홀란드 비.브이.의 등록상표이다)로 시판중인 세포 또는 911 세포와 같은 아데노바이러스 E1 서열을 포함하는 핵산으로 고정된다. 이 출원의 목적을 위해, "PER.C6"는 제96022940로 기탁된 세포 또는 원형종, 기탁된 세포의 원형종으로부터의 자손뿐 아니라, 계대 상류 또는 하류 뿐 아니라, 상기의 유도체를 말한다. 숙주세포에서 재조합 단백질의 생산은 본 분야에 잘 알려진 방법에 따라 실시될 수 있다. 관심있는 단백질의 생산 플랫폼으로서 상표명 PER.C6<sup>™</sup>으로 시판 중인 세포의 사용은 그 전체가 본 명세서에 참조로서 병합되어 있는 WO 00/63403에 기재되어 있다.

[0093] 본 발명에 따른 결합분자의 생산방법은 본 발명의 추가적인 부분이다. 본 방법은 a)본 발명에 따른 숙주를 결합분자의 발현을 가져오는 조건하에서 배양하는 단계, 및 b) 임의로, 발현된 결합 분자를 회수하는 단계를 포함한다. 발현된 결합분자 또는 면역 컨주게이트는 세포 프리 추출물로부터 회수될 수 있지만, 바람직하기는 배지로부터 회수된다. 상기 생산방법은 본 발명의 결합분자 및/또는 면역컨주게이트의 기능적 변이체를 제조하는데도 사용될 수 있다. 세포 프리 추출물 또는 배지로부터 결합분자와 같은 단백질을 회수하는 방법은 본 분야의 당업자에게 잘 알려져 있다. 상기 방법으로 얻을 수 있는 결합분자, 기능적 변이체 및/또는 면역컨주게이트들은 또한 본 발명의 일부이다.

[0094] 선택적으로, 숙주 세포와 같은, 숙주에서의 발현에 이어서, 본 발명의 결합분자 및 면역컨주게이트는 통상의 펩티드 합성기에 의해 또는 본 발명에 따른 DNA 분자로부터 유래된 RNA 핵산분자를 사용한 세포-프리 번역 시스템에서 생산될 수 있다. 상기 합성생산법 또는 세포-프리 번역 시스템에 의해 얻을 수 있는 바와 같은 결합분자 및 면역컨주게이트는 또한 본 발명의 일부이다.

[0095] 또 다른 구현예에서, 본 발명의 인간 결합 분자는 유전자 변이, 비-인간 포유동물, 그중에서도 토끼, 염소 또는 소와 같은 포유동물에서도 생산될 수 있고, 예를 들면 그것의 우유로 분비된다.

[0096] 또 다른 선택적인 구현예에서, 본 발명에 따른 결합분자, 바람직하기는 장내구균 또는 그것의 단편에 특이적으로 결합된 인간 결합분자는 인간 면역글로불린 유전자를 발현하는 유전자변이 마우스 또는 래빗과 같은 비-인간 포유동물의 유전자 변이에 의해 생성될 수 있다. 바람직하기는, 유전자 변이 비-인간 포유동물은 상기 인간 결합 분자의 전체 또는 일부를 암호화하는 인간 중사슬 트랜스유전자와 인간 경사슬 트랜스유전자를 포함하는 게놈을 갖는다. 유전자 변이 비-인간 포유동물은 장내구균 또는 그것의 단편의 정제된 또는 풍부한 제제로면역화될 수 있다. 비-인간 포유동물을 면역화하기 위한 프로토콜은 본 분야에 잘 알려져 있다. 그 내용이 여기에 참조로서 기재된 Using Antibodies: A Laboratory Manual, Edited by: E.Harlow, D. Lane(1998), Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor, New York 및 Current Protocols in Immunology, Edited By:J.E.

Coligan, A.M. Kruisbeek, D.H. margulies, E.M. Shevach, W. Strober(2001), John Wiley & Sons Inc., New York을 참조하라. 면역프로토콜은 종종 프로인트 완전 보조액과 프로인트 불완전 보조액과 같은 보조액을 갖거나 또는 갖지 않는 다중의 면역을 포함하지만, 또한 나이크된 DNA 면역을 포함한다. 또 다른 구현예에서, 인간 결합분자는 유전자도입 동물로부터 유래된 B 세포 또는 플라즈마 세포에 의해 생성된다. 또 다른 구현예에서, 인간 결합분자는 상기 유전자 변이 비-인간 동물로부터 얻어진 B 세포의 불멸화된 세포에의 융합에 의해 제조되는 하이브리도마에 의해 생산된다. 상기 유전자 변이 비-인간 포유동물로부터 얻을 수 있는 B 세포, 플라즈마 세포 및 하이브리도마와 상기 유전자 변이 비-인간 포유동물, B-세포, 플라즈마 세포 및 하이브리도마로부터 얻을 수 있는 인간 결합분자는 또한 본 발명의 일부이다.

[0097] 추가의 면에서, 본 발명은 본 발명에 따른 결합분자, 바람직하기는 인간 모노클로날 항체 또는 그것의 단편과 같은 인간 결합분자 또는 본 발명에 따른 핵산분자를 동정하는 방법을 제공하고, 상기 방법은 (a) 복제가능한 유전자 패키지의 표면 상에서 결합분자의 수집물을, 결합이 수행되는 조건하에서, 제1 세균 유기체와 접촉시키는 단계, (b) 제1 세균성 유기체에 결합된 복제가능한 유전 패키지에 대해 적어도 1회 선택하는 단계, (c) 임의로, 제1 세균성 유기체에 결합하지 않은 복제가능한 유전 패키지로부터 제1 세균성 유기체에 결합된 복제가능한 유전 패키지를 분리하고, 분리된 복제가능한 유전 패키지를 결합이 수행되는 조건하에서 제2 세균성 유기체에 결합된 복제가능한 유전 패키지에 대해 적어도 1회 선택하고, 그리고 (d) 제1 및/또는 제2 세균성 유기체에 결합하지 않은 복제가능한 유전 패키지로부터 제1 및/또는 제2 세균성 유기체에 결합하는 복제가능한 유전 패키지를 분리하고 회수하는 단계로 이루어진다. 물론, 제3의 그리고 추가의 유기체 상에서의 선택으로 확장된 상기 방법은 또한 본 발명의 범위이다. 본 발명의 또 다른 부분은 인간 결합분자와 같은 결합분자, 예를 들면 장내구균 종과 특이적으로 결합하는 인간 모노클로날 항체 또는 그것의 단편, 또는 이와 같은 결합분자를 암호화하는 핵산분자를 동정하는 방법이다. 이와 같은 방법은 상기 방법과 동일한 단계를 포함한다. 여기서 사용된 복제가능한 유전 패키지는 원핵생물 또는 진핵생물일 수 있고, 세포, 생식세포, 이스트, 세균, 바이러스, (박테리오파아지, 리보솜 및 폴리솜을 포함한다. 바람직한 복제가능한 유전 패키지는 파아지이다. 예를 들면 단일 사슬 Fvs와 같은 결합분자는 복제가능한 유전 패키지 상에 나타나고, 즉 그들은 복제가능한 유전 패키지의 외표면에 위치하는 기 또는 분자에 부착된다. 복제가능한 유전 패키지는 결합분자를 암호화하는 핵산 분자에 연결된다고 스크리닝될 수 있는 결합분자를 포함하는 검사가능 유니트이다. 핵산 분자는 인비보(예를 들면, 벡터로서) 또는 인비트로(예를 들면, PCR, 전사 및 번역에 의해)에서 복제가능하다. 인비보 복제는 숙주 인자의 도움으로(바이러스의 경우) 또는 숙주와 헬퍼 바이러스의 도움으로 (플라스미드의 경우) 독립적(세포의 경우)일 수 있다. 결합 분자의 수집물을 나타내는 복제가능한 유전 패키지는, 복제가능한 유전 패키지의 외표면으로부터 일반적으로 발현되는 내인성 단백질을 갖는 융합 단백질을 형성하기 위해, 나타내어질 외인성 결합분자를 암호화하는 핵산 분자를 복제가능한 유전 패키지에 도입 함으로써 형성된다. 융합 단백질의 발현, 외표면으로의 이동 및 조립체는 복제가능한 유전 패키지의 외표면으로부터 외인성 결합 분자를 나타낸다.

[0098] 본 발명에 따른 방법에서 선택 단계(들)은 살아있고 여전히 감염성이거나 불활성된 세균성 유기체로 수행될 수 있다. 세균성 유기체의 불활성화는 당업자에게 잘 알려져 있는 세균 불활성화법, 그중에서도 낮은 pH, 즉 6시간 내지 21일 동안 pH 4로 처리; 유기 용매/세제로 처리, 즉 세균에 유기 용매/세제(Triton X-100 또는 Tween-80)로 처리; UV/광 조사; 감마-조사; 및 관련 항체로 처리에 의해 수행될 수 있다. 세균성 유기체가 여전히 살아있고, 감염성 및/생육력이거나 또는 부분적으로 또는 완전히 불활성인가를 시험하는 방법은 본 분야의 당업자에게 알려져 있다. 상기 방법에 사용된 세균성 유기체는 비-단리된 것일 수 있고, 예를 들면 감염된 개개의 혈청 및/또는 혈액에 존재할 수 있다. 사용된 세균성 유기체는 양 혈액 아가와 같은 적합한 매질 상에서 37°C에서 밤새도록 배양 후 별개의 콜로니들로 단리될 수 있다.

[0099] 구현예에서, 제1 및/또는 제2 세균성 유기체는 복제가능한 유전 패키지와 접촉할 때 현탁액 중에 있다. 선택적으로, 그들은 접촉이 있어날 때 담체에 결합될 수 있다. 또 다른 구현예에서, 제1 및 제2 세균성 유기체는 다양한 세균 종으로부터이고, 예를 들면, 첫번째는 그램-음성 세균으로부터이고 두번째는 그램-양성 세균으로부터이다. 그램-양성 및 그램-음성 세균에 특이적으로 결합할 수 있는 결합분자는 이 방법으로 찾을 수 있다. 바람직하기는, 첫번째 및 두번째 유기체는 둘다 그램-양성 세균이다. 첫번째와 두번째 세균 유기체는 둘 다 장내구균일 수 있다. 한 구현예에서, 제1 및 제2 세균성 유기체는 동일한 세균 종으로부터의 다른 균주일 수 있고, 예를 들면, *E.faecalis* 또는 *E.faecium*와 같은 장내구균 종이다. 이 방법으로, 종-특이 결합분자는 한 종 내의 다른 균주에 특이적으로 결합할 수 있다는 것을 발견할 수 있다. 또 다른 구현예에서, 제1 및 제2 세균성 유기체는 각각 다른 장내구균 종의 멤버이고, 예를 들면, 제1 및 제2 장내구균 종은 *E.faecalis* 및 *E.faecium*으로 이루어진 균주로부터 선택된다. 이 방법으로, 하나의 세균 속(genus)내의 다른 종에 특이적으로 결합할 수 있는 결합



분자를 발견하였다.

[0100] 선택적으로, 선택 단계들은 세포막 제제, 단백질을 제거하기 위해 효소적으로(예를 들면, 프로테아제 K) 처리된 세포막 제제, 탄수화물 모이어티를 제거하기 위해 효소적으로(예를 들면, 페리오데이트로) 처리된 세포막 제제, 제조합 단백질 또는 다당류와 같은 세균성 유기체의 단편의 존재하에 수행될 수 있다. 또 다른 구현예에서, 선택 단계는 세균성 유기체로부터 유래된 하나 이상의 단백질 또는 (폴리)펩티드, 이들 단백질 또는 (폴리)펩티드를 포함하는 융합 단백질 등의 존재하에 수행될 수 있다. 이들 단백질의 세포외적으로 노출된 부분은 또한 선택 재료로 사용될 수 있다. 생 또는 불활성화된 세균성 유기체 또는 그들의 단편은 사용 전에 적합한 재료로 고정화될 수 있다. 선택적으로, 현탁액 중의 생 또는 불활성화 세균이 사용된다. 한 구현예에서, 선택은 세균성 유기체로부터 유래된 다양한 재료에서 수행될 수 있다. 예를 들면, 첫번째 선택 라운드는 현탁액 중의 생 또는 불활성화 세균성 유기체에서 수행되고, 두번째와 세번째 라운드는 각각 제조합 세균성 단백질 및 다당류에서 수행될 수 있다. 물론, 다른 조합물을 고려할 수 있다. 다양한 세균성 재료가 하나의 선택/패닝(panning) 단계 동안 사용될 수 있다. 추가의 면에서, 본 발명은 선택 단계(들)에서 사용된 세균성 유기체가 동일한 또는 다른 세균 성장기, 예를 들면, 증식준비기, 대수 증식기, 증식 정지기 또는 사멸기로부터 유래되는 방법을 제공한다. 이 방법에서 기(phase)-특이 항-세균성 결합분자가 발견될 수 있다. 예를 들면, 제1 세균성 유기체는 증식정지기의 *E.faecalis*인 반면, 제2 세균성 유기체는 대수 증식기의 *E.faecalis*이고 또는 제1 세균성 유기체가 증식준비기의 *E.faecium*인 반면, 제2 세균성 유기체는 증식 준비기의 *E.faecium*일 수 있다. 추가의 조합은 당업자가 도달할 수 있는 범위 내이다.

[0101] 또 다른 추가의 면에서, 본 발명은 결합분자를 암호화하는 적어도 두개의 다른 세균성 유기체 또는 핵산 분자에 특이적으로 결합하는 결합분자를 얻는 방법을 제공하고, 여기서 상기 방법은 a) 결합분자를 동정하는 상기 방법을 수행하는 단계, 및 b) 회수된 복제가능한 유전 패키지로부터 상기 결합분자 및/또는 상기 결합분자를 암호화하는 핵산 분자를 단리하는 단계를 포함한다. 복제가능한 유전 패키지의 표면 상의 결합분자의 수집물은 scFvs 또는 Fabs의 수집물일 수 있다. 일단 새로운 scFv 또는 Fab이 결합분자 또는 상기 결합분자를 암호화하는 핵산 분자를 동정하는 상기 방법으로 확립되거나 또는 동정되면, scFv 또는 Fab를 암호화하는 DNA는 세균 또는 파아지로부터 단리되고 원하는 특이성(예를 들면, IgG, IgA 또는 IgM)을 갖는 완전 인간 면역글로불린 또는 이가 scFvs를 암호화하는 구조물을 만들기 위해 표준 분자 생물학적 기술로 결합할 수 있다. 이들 구조물은 적절한 세포주로 트랜스펙트될 수 있고 완전 인간 모노클로날 항체들이 생산될 수 있다(HuIs et al., 1999; Boel et al., 2000 참조).

[0102] 위에서 언급한 바와 같이, 바람직한 복제가능한 유전 패키지는 파아지이다. (인간) 결합 분자, 예를 들면 (인간) 모노클로날 항체를 동정하고 얻기 위한 파아지 디스플레이법은, 본 분야의 당업자에 의해 알려진 잘-확립된 방법이다. 이들은 미국특허 제5,696,108호; Burton and Barbas, 1994; de Kruif et al, 1995b; 및 Phage Display: A Laboratory Manual. Edited by: CF Barbas, DR Burton, JK Scott and GJ Silverman (2001), Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, New York에 기재되어 있다. 이들 참조 모두는 본 명세서에 참조로서 병합되어 있다. 파아지 디스플레이 라이브러리의 구성을 위해, 인간 모노클로날 항체 중 및 경사슬 가시영역 유전자의 수집물은 박테리오파아지, 바람직하기는 필라멘트성 박테리오파아지, 입자, 예를 들면 단일-사슬 Fv(scFv) 또는 Fab 포맷(de Kruif et al., 1995b)의 표면에 발현된다. 항체 단편-발현 파아지의 큰 라이브러리는 통상적으로  $1.0 \times 10^9$  항체 특이성을 함유하고 면역화된- 또는 비-면역화된 개인의 B 림프구에서 발현되는 면역글로불린 V-영역으로부터 조립될 수 있다. 본 발명의 특정 구현예에서, 결합분자의 파아지 라이브러리, 바람직하기는 scFv 파아지 라이브러리는 세균에 대해 백신화되었던, 최근 백신화된 또는 급성 세균 감염, 예를 들면 장내구균 감염된, 또는 건강한 개인으로부터 얻어진 세포로부터 단리된 RNA로부터 제조된다. RNA는 그중에서도, 골수 또는 말초혈액으로부터, 바람직하기는 말초혈액 림프구로부터 또는 단리된 B-세포 상에서, 또는 B-세포의 아개체군 상에서 단리될 수 있다. 개체는 세균에 대해 백신화된 동물 또는 세균 감염되었거나 되었었던 동물일 수 있다. 바람직하기는 동물은 세균에 대해 백신화된 또는 만성 감염 또는 급성 세균감염된 인간 개체이다. 바람직하기는 인간 개체는 최근 세균 감염으로부터 회복된다.

[0103] 선택적으로, 파아지 디스플레이 라이브러리는 라이브러리에 추가의 항체 다양성을 도입하기 위해 부분적으로 인 비트로 조립되어진 면역글로불린 가변 영역으로부터 구성될 수 있다(세미-합성 라이브러리). 예를 들면, 인 비트로 조립된 가변 영역은 항체 특이성에 중요한 분자의 이들 영역, 예를 들면 CDR 영역에서 합성적으로 생산된, 무작위의 또는 부분적으로 무작위의 DNA의 확장을 함유한다. 장내구균과 같은 세균에 대한 특이 파아지 항체는, 세균에 또는 그것의 재료에 노출시켜 세균 또는 그것의 재료에 특이한 항체-단편을 발현하는 파아지의 결합을 허용하도록 라이브러리로부터 선택될 수 있다. 비-결합된 파아지는 세척에 의해 제거되고 결합된 파아지는

*E. coli* 세균의 감염에 대해 용출되고 이어서 번식된다. 세균 또는 그들의 재료에 특이적으로 결합하는 파아지를 충분히 풍부하도록 하기위해 통상적으로 복수개의 선택과 번식의 운행(round)이 요구된다. 필요하다면, 파아지 라이브러리를 세균 또는 그것의 재료에 노출시키기 전에, 우선 파아지 라이브러리를 다양한 종의 세균과 같은 비-표적 재료에 노출시킴에 의해 파아지 라이브러리를 제거한다. 이들 제거된 세균 또는 그들의 재료는 고품상에 결합되거나 또는 현탁물 중에 있을 수 있다. 파아지는 세균성 다당류 또는 다른 세균성 재료와 임의로 보충되는 세균성 단백질 또는 (폴리)펩티드의 복합 혼합물과 같은 복합물 항원에 결합되도록 선택될 수 있다. 장내 구균과 같은 하나 이상의 단백질 또는 (폴리) 펩티드를 발현하는 숙주 세포가 선택 목적을 위해 사용될 수 있다. 이들 숙주세포를 사용한 파아지 디스플레이법은, 표적 분자 또는 표적과 유사하지만 동일하지 않은 비-표적 분자를 함유하지 않는 다량의 숙주세포의 첨가에 의해 스크리닝 동안 비-관련 바인더를 제거하고, 그것에 의해 관련 결합 분자를 찾는 확률을 크게 강화함으로써 확장되고 개선될 수 있다. 물론 이 제거는 세균성 유기체 또는 그것의 재료로 스크리닝 하기 전, 동안, 또는 후에 수행될 수 있다. 이 과정을 Mabstrac<sup>TM</sup> 법이라 부른다 (Mabstrac<sup>TM</sup> 법은 크루셀 홀란드 비.브이.의 계류중인 상표명이다. 또한, 여기에 참조로서 병합된 미국특허 제 6,265,150호를 참조).

[0104] 또 다른 면에서, 본 발명은 적어도 두개의 다른 세균성 유기체에 대해 잠재적으로 사멸활성을 갖는 결합분자를 얻는 방법을 제공하고, 여기서, 상기 방법은 (a) 상기와 같은 결합분자를 암호화하는 적어도 두개의 다른 세균성 유기체 또는 핵산 분자에 특이적으로 결합하는 결합 분자를 얻는 방법을 수행하는 단계, 및 (b) 단리된 결합 분자가 적어도 두개의 다른 세균성 유기체에 대해 사멸활성을 갖는지를 확인하는 단계를 포함한다. 결합분자가 흡소닌 활성과 같은 사멸활성을 갖는지를 확인하는 평가는 본 분야에 잘 알려져 있다(예를 들면, Manual of Molecular and Clinical Laboratory Immunology, 7th Edition 참조). 추가의 구현예에서, 결합분자는 또한 어느 다른 활성에 대해서도 시험된다. 다른 유용한 활성은 앞에서 기재하였다.

[0105] 추가의 면에서, 본 발명은 예를 들면 장내구균과 같은 적어도 2개, 바람직하기는 적어도 3개 이상의 다른 세균성 유기체에 대해 사멸활성을 갖고 상기 방법으로 얻을 수 있는 결합분자에 관한 것이다. 결합분자를 포함하는 약제학적 조성물, 추가로 적어도 하나의 약제학적으로 허용가능한 부형제를 포함하는 약제학적 조성물은 또한 본 발명의 면이다. 약제학적으로 허용가능한 부형제는 당업자에게 잘 알려져 있다. 본 발명에 따른 약제학적 조성물은 추가로 적어도 하나의 다른 치료제를 포함할 수 있다. 적합한 약제는 또한 당업자에게 잘 알려져 있다.

[0106] 또 다른 추가의 면에서, 본 발명은 적어도 하나의 결합분자, 바람직하기는 본 발명에 따른 인간 모노클로날 항체, 적어도 하나의 기능적 변이체, 적어도 하나의 본 발명에 따른 면역원주게이트 또는 그들의 조합을 포함하는 조성물을 제공한다. 이것에 더하여, 조성물은 무엇보다도 알부민 또는 폴리에틸렌 글리콜, 또는 염과 같은 안정화분자를 포함할 수 있다. 바람직하기는, 사용된 염은 결합분자의 원하는 생리활성을 유지하고 원하지 않는 독물학적 효과를 제공하지 않는 염이다. 이와 같은 염의 예로는 산 부가염과 염기 부가염을 포함하지만, 이것으로 제한되는 것은 아니다. 필요에 따라, 본 발명의 인간 결합분자는 결합분자를 불활성화할 수 있는 산의 작용 또는 다른 천연 또는 비천연 조건으로부터 그들을 보호하기 위해 결합분자에 또는 그 위에 코팅될 수 있다.

[0107] 또 다른 추가의 면에서, 본 발명은 본 발명에 정의된 바와 같은 적어도 하나의 핵산분자를 포함하는 조성물을 제공한다. 조성물은 염(예를 들면, NaCl 또는 상기와 같은 염), 세척제(예를 들면, SDS) 및/또는 다른 적절한 성분을 함유하는 수용액과 같은 수용액을 포함할 수 있다.

[0108] 더우기, 본 발명은 적어도 하나의 본 발명의 인간 결합분자와 같은 결합분자(또는 그것의 단편 또는 변이체), 적어도 하나의 본 발명에 따른 면역원주게이트, 적어도 하나의 본 발명에 따른 조성물 또는 그들의 조합을 포함하는 약제학적 조성물에 관한 것이다. 본 발명의 약제학적 조성물은 추가로 적어도 하나의 약제학적으로 허용가능한 부형제를 포함한다.

[0109] 한 구현예에서, 약제학적 조성물은 예를 들면 장내구균 종과 같은 세균성 유기체에 대한 사멸 활성을 갖는 하나 이상의 결합분자를 포함한다. 하나의 구현예에서, 결합분자는, 조합물로 사용될 때 상승작용에 의한 사멸 활성을 나타낸다. 다시 말하면, 조성물은 사멸활성을 갖는 적어도 두개의 결합분자를 포함하고, 결합분자는 예를 들면, 장내구균 종과 같은 세균성 유기체를 상승작용에 의해 사멸하는 작용을 하는 것을 특징으로 한다. 여기에 사용된 바에 따라, 용어 "상승작용에 의해"는 결합분자의 결합 효과가 조합물로 사용하였을 때 개별적으로 사용할 때보다 그들의 추가적 효과가 더 큰 것을 의미한다. 상승작용에 의해 작용하는 결합분자는 세균성 유기체의 같은 구별되는 단편상의 다양한 구조에 결합될 수 있다. 한 구현예에서, 세균성 유기체의 사멸에 상승작용에 의해 작용하는 결합분자는 또는 다른 세균성 유기체를 상승작용에 의해 사멸할 수 있다. 상승작용을 계산하는 방법은 조합 인덱스에 의한다. 조합 인덱스(CI)의 개념은 Chou 및 Talalay, 1984에 의해 기재된다. 상승작용적 활

성을 갖는 두개 이상의 결합분자는 구별되는 작용 모드를 갖는다. 예를 들면, 첫번째 결합분자는 옅소닌 활성을 갖는 반면, 두번째 결합분자는 식균작용을 증가시키고/증강시키고/강화시키는 또 다른 활성을 갖거나, 첫번째 결합 분자는 예를 들면 세균 성장의 감소 또는 억제 또는 직접 세균을 죽이는 고유의 (사멸) 활성을 갖는 반면, 두번째 결합 분자는 세균의 항생물질 처리에 대한 민감도를 증가시킨다. 다른 조합도 생각해볼 수 있다는 것을 이해할 것이다.

[0110] 본 발명에 따른 약제학적 조성물은 추가로 적어도 하나의 다른 치료제, 예방제 및/또는 진단제를 포함할 수 있다. 바람직하기는, 약제학적 조성물은 적어도 하나의 예방제 및/또는 치료제를 포함한다. 바람직하기는, 상기 추가의 치료 및/또는 예방 약제는 예를 들면 장내구균과 같은 세균에 의한 감염 및/또는 병태를 예방 및/또는 치료할 수 있는 약제이다. 치료 및/또는 예방 약제는 항-세균제를 포함하지만, 이것으로 제한되는 것은 아니다. 이와 같은 약제는 결합분자, 소분자, 유기 또는 무기 화합물, 효소, 폴리뉴클레오티드 서열, 항생물질 펩티드 등 일 수 있다. 장내구균 감염과 같은 세균성 감염으로 감염된 환자를 치료하는데 현재 사용되는 다른 약제는 반코마이신, 테이코플라닌, 암피실린 또는 반코마이신과 아미노글리코사이드 또는 숄박탐을 포함하는 상승적 결합물, 연장된 스펙트럼 페니실린을 포함하는 페니실린, 카바페넴, 마크롤리드, 퀴놀론, 테트라시클린, 클로르암페니콜, 답토마이신, 리네졸리드, 퀴누프리스틴/달포프리스틴과 같은 항생물질이다. 이들은 본 발명의 결합물질과 조합하여 사용될 수 있다. 세균에 의한 감염 및/또는 실험 단계에 있는 감염으로부터 생긴 병태를 예방 및/또는 치료할 수 있는 약제는 본 발명에 유용한 치료적 및/또는 예방 약제로서 사용될 수 있다.

[0111] 본 발명의 결합분자 또는 본 발명의 약제학적 조성물은 인간에 사용되기에 앞서 알맞은 동물 모델 시스템에서 시험될 수 있다. 이와 같은 동물 모델 시스템은 무린 패혈증 및 복막염 모델, 래트 패혈증 및 심내막염 모델, 및 래빗 내막염 모델을 포함할 수 있지만, 이것으로 제한되는 것은 아니다.

[0112] 통상적으로, 약제학적 조성물은 제조 및 저장조건하에서 무균이며 안정하다. 본 발명의 결합분자, 면역컨쥬게이트, 핵산분자 또는 조성물은 전달시 또는 전달 전에 적절한 약제학적으로 허용가능한 부형제 중에 재구성을 위해 분말 형태로 존재할 수 있다. 살균성 주사용액의 제조를 위한 살균분말의 경우, 바람직한 제조방법은 활성 구성성분의 분말과 그것의 미리 살균-여과된 용액으로부터의 추가의 원하는 구성성분을 생산하는 진공건조 및 냉동-건조(냉동건조)이다.

[0113] 선택적으로, 본 발명의 결합분자, 면역컨쥬게이트, 핵산 분자 또는 조성물은 용액상태일 수 있고, 적절한 약제학적으로 허용가능한 부형제가 단위 투여량 주사형을 제공하기 위해 전달되기 전 또는 전달시에 첨가 및/또는 혼합될 수 있다. 바람직하기는, 본 발명에 사용되는 약제학적으로 허용가능한 부형제는 고 약물농도에 알맞고, 알맞은 흐름성을 유지할 수 있고, 필요에 따라 흡수가 지연될 수 있다.

[0114] 약제학적 조성물의 투여의 최적 경로의 선택은 조성물 내의 활성 분자들의 물리-화학적 특성, 임상적 상황의 긴급성 및 원하는 치료적 효과에 대한 활성분자의 플라즈마 농도의 관계를 포함하는 여러 인자들에 의해 영향을 받는다. 예를 들면, 본 발명의 결합분자는 필요에 따라, 임플란트, 피부에 바르는 패치, 및 마이크로캡슐화 전달시스템을 포함하는, 조절된 방출 제형과 같은 그들의 신속한 방출을 막는 담체와 함께 제조될 수 있다. 에틸렌 비닐 아세테이트, 다가가수물, 폴리글리콜산, 폴라젠, 폴리오르토에스테르, 및 폴리락트산과 같은 생분해성, 생체적합성 폴리머가 사용될 수 있다. 또한, 결합분자는 인간 결합분자의 불활성화를 막는 물질 또는 화합물로 코팅되거나 또는 함께-투여되는 것이 필요할 수 있다. 예를 들면, 결합분자는 적절한 담체에서, 예를 들면 리포솜 또는 희석제에서 개체로 투여될 수 있다.

[0115] 투여경로는 2개의 주요 카테고리, 경구 및 비경구로 나뉠 수 있다. 바람직한 투여 경로는 정맥내이다.

[0116] 경구 투여형태는 그중에서도 정제, 트로키제, 약용 드롭스제, 수성 또는 유성 현탁제, 산제 또는 분산과립제, 에멀션제, 강성 캡슐제, 연성 젤라틴 캡슐제, 시럽제 또는 엘릭서제, 필제, 당의정, 액제, 겔제, 또는 슬러리제로서 제제화될 수 있다. 이들 제형은 불활성 희석제, 과립화 또는 봉해제, 결합제, 광택제, 보존제, 착색제, 풍미제 또는 감미제, 식물성유 또는 미네랄유, 습윤제, 및 점증제를 함유하는 약제학적 부형제를 포함하지만, 이것으로 제한되는 것은 아니다.

[0117] 본 발명의 약제학적 조성물은 비경구적 투여용으로 제형화될 수 있다. 비경구 투여용 제형은 그중에서도, 수성 또는 비-수성 등장성 살균 비-독성 주사 또는 주입 용액 또는 현탁액의 형태일 수 있다. 용액 또는 현탁액은 적용된 투여량 및 농도에서 수용체에 비독성인 1,3-부탄디올, 링거스 용액, 헵크스용액, 등장성 염화나트륨 용액과 같은 약제, 오일, 지방산, 국소마취제, 보존제, 완충액, 점도 또는 용해도 증가제, 수용성 항산화제, 유용성 항산화제, 및 금속 킬레이트화제를 포함할 수 있다.

- [0118] 추가의 면에서, 본 발명의 인간 모노클로날 항체 (그것의 기능적 단편 및 변이체)와 같은 결합분자, 면역 컨주게이트, 조성물 또는 약제학적 조성물은 의약으로 사용될 수 있다. 따라서, 본 발명의 결합분자, 면역컨주게이트, 조성물 또는 약제학적 조성물을 사용한 예를 들면 장내구균과 같은 세균성(그램-양성 및/또는 그램-음성) 감염의 치료 및/또는 예방법은 본 발명의 또 다른 부분이다. 상기 분자는 무엇보다도 세균성 감염의 진단, 예방, 치료 또는 그것의 조합을 위해 사용될 수 있다. 장내 구균에 의한 중요한 임상 감염은 요도감염, 복강내, 골반 및 연조직 감염, 균혈증, 세균성 심내막염, 게실염, 수막염, 복막염, 골수염, 패혈성 관절염, 농양, 상처 감염 및 폐렴을 포함하지만, 이것으로 제한되는 것은 아니다. 이들은 세균성 감염을 겪는 비처리 환자 및 세균성 감염된 또는 그것에 대해 치료된 환자의 치료에 알맞다. 이들은 입원한 유아, 조산 유아, 화상환자, 노인환자, 화학요법을 받는 환자와 같은 면역시스템 손상 환자, 이식된 기관을 갖는 면역억제된 환자, 면역결핍 환자, 침입과정을 겪는 환자 및 보건의료 종사자와 같은 환자에게 사용될 수 있다. 각각의 투여는 최대 3주 또는 4주 동안 세균성 유기체에 의한 추가의 감염에 대해 보호하고 및/또는 감염과 관련된 증상의 개시 또는 진행을 지연시킬 것이다. 본 발명의 결합분자는 또한 항생물질에 대한 세균의 민감성을 증가시킴에 의해 기존의 항생물질 치료의 효과를 증가시키고 읍소닌화를 통한 것과 다른 방법으로 면역시스템이 세균을 공격하는 것을 자극할 것이다. 이 활성은 세균 감염에 대한 오래 지속되는 보호를 제공할 것이다. 더우기, 본 발명의 결합분자는 세균의 성장을 직접 억제하거나 또는 감염 중 생존에 요구되는 병독성 인자를 억제할 것이다.
- [0119] 상기 분자 또는 조성물은 진단, 예방 및/또는 치료에 유용한 다른 분자들과 함께 적용될 수 있다. 이들은 인비트로, 엑스비트로 또는 인비보에서 사용될 수 있다. 예를 들면, 본 발명의 인간 모노클로날 항체(또는 그것의 기능적 변이체)와 같은 결합분자, 면역컨주게이트, 조성물 또는 약제학적 조성물은 (이용가능하다면) 세균성 유기체에 대한 백신과 함께 투여될 수 있다. 선택적으로, 백신은 또한 본 발명의 분자를 투여하기 전 또는 후에 투여될 수 있다. 백신 대신, 항균제가 본 발명의 결합분자와 함께 적용될 수 있다. 적합한 항균제는 상기와 같다.
- [0120] 분자는 통상적으로 치료적으로 또는 진단학적으로 유효한 양으로 본 발명의 조성물과 약제학적 조성물에서 제형화된다. 선택적으로, 그들은 개별적으로 제형화되고 투여될 수 있다. 예를 들면, 항균제와 같은 다른 분자가 진신에 적용되고, 반면 본 발명의 결합분자는 경막내 또는 심실내 적용될 수 있다.
- [0121] 투여량 처방계획은 원하는 최적의 반응(예를 들면 치료적 반응)을 제공하도록 조절될 수 있다. 알맞은 투여량 범위는 예를 들면, 0.1~100 mg/kg(체중)이고, 바람직하기는 0.5~15 mg/kg(체중)일 수 있다. 더우기 예를 들면, 단일 큰 알약이 제공되는 경우 몇 개로 나누어진 투여량이 시간에 걸쳐 투여될 수 있고 또는 투여량은 치료적 상황의 긴급사태에 의해 나타나는 바에 따라 비례적으로 감소되거나 또는 증가될 수 있다. 본 발명에 따른 분자 및 조성물은 바람직하기는 살균된다. 이들 분자들과 조성물을 살균하는 방법은 본 분야에 잘 알려져 있다. 진단, 예방 및/또는 치료에 유용한 다른 분자는 본 발명의 결합분자에 제안되는 유사한 투여량 처방계획으로 투여될 수 있다. 다른 분자들이 개별적으로 투여된다면, 이들은 개체에게 하나 이상의 본 발명의 결합 분자 또는 약제학적 조성물의 투여 전(예를 들면, 2분, 5분, 10분, 15분, 30분, 45분, 60분, 2시간, 4시간, 6시간, 8시간, 10시간, 12시간, 14시간, 16시간, 18시간, 20시간, 22시간, 24시간, 2일, 3일, 4일, 5일, 7일, 2주, 4주 또는 6주), 동시에, 또는 이후에 (예를 들면, 2분, 5분, 10분, 15분, 30분, 45분, 60분, 2시간, 4시간, 6시간, 8시간, 10시간, 12시간, 14시간, 16시간, 18시간, 20시간, 22시간, 24시간, 2일, 3일, 4일, 5일, 7일, 2주, 4주 또는 6주 후)에 투여될 수 있다. 정확한 투여량 처방계획은 보통 인간 환자에서의 임상시험 동안 가려진다.
- [0122] 인간결합분자와 인간결합분자를 포함하는 약제학적 조성물은, 투여된 항체에 대한 수용체 면역반응은 실질적으로 모노클로날 뮤린(murine), 키메릭 또는 인간화된 결합분자의 투여에 의해 발생하는 것보다 실질적으로 덜하므로, 인간에게 인비보 치료제로서 투여될 때 특히 유용하고, 종종 바람직하다.
- [0123] 다른 면에서, 본 발명은 세균(그램-양성 및/또는 그램-음성) 예를 들면 장내구균 감염의 진단, 예방, 치료 또는 그들의 조합을 위한 의약의 제조에 본 발명에 따른 사멸 인간 모노클로날 항체(그것의 기능적 단편 및 변이체)와 같은 결합분자, 면역 컨주게이트, 핵산분자, 조성물 또는 약제학적 조성물의 사용에 관한 것이다.
- [0124] 그 다음, 본 발명에 따른 사멸 인간 모노클로날 항체 (그것의 기능적 단편 및 변이체)와 같은 적어도 하나의 결합분자, 적어도 하나의 면역 컨주게이트, 적어도 하나의 핵산분자, 적어도 하나의 조성물, 적어도 하나의 약제학적 조성물, 적어도 하나의 벡터, 적어도 하나의 숙주 또는 그들의 조합물을 포함하는 키트는 또한 본 발명의 일부이다. 임의로 본 발명의 키트의 상기 성분들은 표시된 병태의 진단, 예방 및/또는 치료를 위해 알맞은 용기에 포장되고 라벨을 붙일 수 있다. 상기 성분들은 유닛 또는 다중-용량 용기, 예를 들면, 바람직하기는 멸균된 수용액으로서 또는 재구성을 위해 냉동건조된, 바람직하기는 멸균된 제형으로 저장될 수 있다. 용기는 유리

또는 플라스틱과 같은 다양한 재료로 형성될 수 있고 멸균 통로구멍을 가질 수 있다(예를 들면, 용기는 피하주사기용 바늘이 꽂힐 수 있는 마개를 갖는 정맥 용액 주머니 또는 바이알일 수 있다). 키트는 추가로 약제학적으로 허용가능한 완충액을 포함하는 용기를 포함한다. 이것은 추가로 다른 완충액, 희석제, 필터, 바늘, 주사기, 하나 이상의 알맞은 숙주용 배지 그리고 가능하기는 적어도 하나의 다른 치료제, 예방제 또는 진단제를 포함하는 시판 및 사용자 관점에서 바람직한 다른 재료를 포함할 수 있다. 키트와 관련한 것은 치료적, 예방적, 또는 진단적 제품의 시판 패키지에 관습적으로 포함될 구성물질일 수 있고, 즉, 예를 들면, 치료적, 예방적, 또는 진단적 제품의 사용에 관한 증상, 사용법, 투여량, 제조, 투여, 모순 및/또는 경고를 포함한다.

[0125] 본 발명의 결합분자는 의료 장비 또는 중합 생체물질에 코팅하는데 사용될 수 있다.

[0126] 본 발명은 추가로, 샘플 중의 세균성 유기체(그램-양성 및/또는 그램-음성)를 검출하는 방법에 관한 것이고, 여기서 상기 방법은 a) 샘플을 본 발명에 따른 결합분자(그것의 기능적 단편 또는 변이체) 또는 면역컨쥬게이트의 진단적으로 효과적인 양을 접촉시키는 단계, 및 b) 결합분자 또는 면역컨쥬게이트가 샘플의 분자와 특이적으로 결합하는 지를 결정하는 단계를 포함한다. 바람직하기는, 본 발명은 샘플에서 장내구균을 검출하는데 사용된다. 샘플은 혈액, 혈청, 뇨, 조직 또는 다른 (잠재적으로) 감염된 개체의 생리적 물질을 포함하는 생리적 샘플, 또는 물, 음료 등과 같은 비생리적 샘플일 수 있지만, 이것으로 제한되는 것은 아니다. (잠재적으로) 감염된 개체는 인간 환자일 수 있지만, 또한 세균성 유기체의 담체로서 추측되는 동물이 본 발명의 인간 결합분자 또는 면역컨쥬게이트를 사용하여 유기체의 존재에 대해 시험될 수 있다. 샘플은 우선 검출방법에 더욱 알맞게 되도록 조작될 수 있다. 조작은 세균성 유기체를 함유하고 있다고 추측되고 및/또는 함유하는 샘플을, 상기 유기체가 단백질, (폴리)펩티드 또는 다른 항원 단편과 같은 항원성 성분들로 분해되도록 하는 방법으로 처리하는 것을 의미한다. 바람직하기는, 본 발명의 인간 결합분자 또는 면역컨쥬게이트는, 인간 결합분자와 세균성 유기체 또는 그것의 항원성 성분들간의 면역 복합체의 형성을 허용하는 조건하에서 샘플과 접촉된다. 샘플 중에 세균성 유기체의 존재를 나타내는 면역학상의 복합체의 형성은 알맞은 방법에 의해 검출되고 측정된다. 이와 같은 방법은, 무엇보다도, 방사면역측정법(RIA), ELISA, 면역형광법, 면역세포화학, FACS, BIACORE 및 웨스턴 블롯 분석과 같은 균질 및 이중성 결합면역분석을 포함한다.

[0127] 바람직한 분석법, 특히 환자 혈청 및 혈액과 혈액-유도 산물의 대규모 임상 스크리닝을 위한 분석법은 ELISA 및 웨스턴 블롯법이다. ELISA 시험이 특히 바람직하다. 이들 분석에서 시약으로 사용하기 위해, 본 발명의 결합분자 또는 면역컨쥬게이트는 통상적으로 미세역가 웰의 내부표면에 결합된다. 본 발명의 결합분자 또는 면역컨쥬게이트는 미세역가 웰에 직접 결합된다. 그러나, 본 발명의 결합분자 또는 면역컨쥬게이트의 웰에 대한 최대 결합은 본 발명의 결합분자 또는 면역컨쥬게이트의 첨가 전에 웰을 폴리아이신으로의 예비처리에 의해 수행된다. 더우기, 본 발명의 결합분자 또는 면역컨쥬게이트는 공지의 수단에 의해 웰에 공유적으로 결합될 수 있다. 일반적으로 본 발명의 결합분자 또는 면역컨쥬게이트는 더 높거나 낮은 양으로 사용될 수 있지만 코팅을 위해 0.01~100 $\mu\text{g}/\text{ml}$ 의 농도로 사용된다. 그리고 나서 샘플이 본 발명의 결합분자 또는 면역컨쥬게이트로 코팅된 웰에 첨가된다.

[0128] 더우기, 본 발명의 결합분자 또는 기능적 변이체는 세균성 유기체, 예를 들면, 장내구균 특이 결합 구조를 동정하는데 사용될 수 있다. 결합구조는 단백질 및/또는 폴리펩티드 상의 에피토프일 수 있다. 그들은 선형일 수 있지만, 또한 구조적 및/또는 형태적일 수 있다. 한 구현예에서, 결합구조는 PEPSCAN 분석의 수단에 의해 분석될 수 있다(그중에서도, WO 84/03564, WO 93/09872, Sloopstra et al. 1996 참조). 선택적으로, 세균성 유기체의 단백질로부터의 펩티드를 포함하는 랜덤 펩티드 라이브러리는 본 발명의 결합분자에 결합할 수 있는 펩티드를 스크리닝할 수 있다. 발견된 결합구조물/펩티드/에피토프는 백신으로서 및 세균성 감염의 진단용으로 사용될 수 있다. 단백질 및/또는 폴리펩티드 이외의 단편이 결합분자에 의해 결합된 경우, 결합 구조물은 질량스펙트럼, 고성능 액체 크로마토그래피 및 핵자기 공명에 의해 동정될 수 있다.

[0129] 추가의 면에서, 본 발명은 본 발명의 인간 결합분자에 의해 결합된 에피토프와 같이, 세균성 유기체(그램-양성 및/또는 그램-음성), 예를 들면 장내구균의 동일한 에피토프에의 특이 결합을 위한 결합분자(또는 그것의 기능적 단편 또는 변이체)를 스크리닝하는 방법을 제공하고, 여기서 상기 방법은 (a) 스크리닝될 결합분자, 본 발명의 결합분자 및 세균성 유기체 또는 그것의 단편을 접촉하는 단계, (b) 스크리닝될 결합분자가 본 발명의 결합분자와, 세균성 유기체 또는 그것의 단편과의 특이적 결합에 대해 경쟁할 수 있는지를 측정하는 단계를 포함한다. 추가의 단계에서, 세균성 유기체 또는 그것의 단편에 특이적으로 결합하기 위해 경쟁할 수 있는 스크린된 결합분자가 사멸활성, 예를 들면 옅소닌 활성을 갖는가를 측정할 수 있다. 본 발명의 결합분자와, 세균성 유기체 또는 그것의 단편에 특이적으로 결합하기 위해 경쟁할 수 있는 결합분자는 본 발명의 또 다른 부분이다. 상기 스크리닝법에서, "동일한 에피토프에 대한 특이적 결합"은 또한 본 발명의 결합분자에 의해 결합된 에피토프

와 실질적으로 또는 필수적으로 동일한 에피토프에 특이적으로 결합하는 것을 말한다. 본 발명의 결합분자가 세균성 유기체에 결합하는 것을 블록하거나 경쟁할 수 있는 능력은 통상적으로 스크리닝될 결합분자가 본 발명의 결합분자에 의해 면역특이적으로 인식되는 세균성 유기체의 결합부위와 실질적으로 오버랩하는 세균성 유기체 상의 결합부위 또는 에피토프와 결합한다는 것을 나타낸다. 선택적으로, 이것은 스크리닝될 결합분자가 에피토프 또는 본 발명의 결합분자에 의해 면역특이적으로 인식되는 결합부위에 충분히 근접한 결합부위에 입체구조적으로 결합하거나 그렇지 않으면 본 발명의 결합분자가 세균성 유기체에 결합하는 것을 억제한다는 것을 나타낼 수 있다.

[0130] 일반적으로, 경쟁적 저해를 평가에 의해 측정하고, 여기서 항원 조성물, 즉 세균성 유기체 또는 그것의 단편을 포함하는 조성물은 참조결합분자, 즉, 본 발명의 결합분자와 스크리닝될 결합분자와 혼합된다. 보통 스크리닝될 결합분자는 과량으로 존재한다. ELISA 및 웨스턴 블롯을 기준으로 하는 프로토콜이 이와 같은 단순 길항적 연구에 사용하기에 알맞다. 종 또는 이소타입 2차 항체를 사용하여 오직 결합된 참조 결합분자만을 검출할 수 있고, 그것의 결합은 실질적으로 동일한 에피토프를 인식하는 스크리닝 되어질 결합분자의 존재에 의해 감소될 것이다. 참조 결합분자와 스크린 되어질 어느 결합분자 간의 (종 또는 이소타입에 관계없이) 결합분자 경쟁연구의 실시에서, 참조분자는 검출가능한 라벨, 예를 들면 비오틴, 효소적, 방사활성과 같은 검출가능한 라벨 또는 이후의 동정화가 가능한 라벨로 우선 라벨화된다. 이들 경쟁 평가에 의해 동정된 결합분자("경쟁결합분자" 또는 "교차-반응성 결합분자")는 항체, 항체 단편 및 에피토프 또는 스크리닝 되어질 결합분자와 참조결합분자 사이의 경쟁 결합 일어나기 위해 참조결합분자에 의해 결합된 에피토프에 충분히 근접한 결합부위에 결합하는 다른 약제 뿐 아니라, 항체, 항체 단편 및 에피토프 또는 참조결합분자에 의해 결합된 결합부위에 결합하는 다른 결합약제를 포함하지만, 이것으로 제한되는 것은 아니다. 바람직하기는 본 발명의 경쟁 결합분자는, 과량으로 존재할 때, 선택된 표적 종에 대한 참조 결합분자의 특정 결합을 적어도 10%, 바람직하기는 적어도 25%, 더욱 바람직하기는 적어도 50%, 및 가장 바람직하기는 적어도 75%-90% 또는 그 이상으로 억제한다. 거의, 실질적으로 또는 필수적으로 또는 본 발명의 결합분자와 동일한 에피토프에서 결합하는 하나 이상의 경쟁 결합분자의 동정은 간단한 기술문제이다. 경쟁 결합분자의 동정이 참조 결합분자, 즉 본 발명의 결합분자와 비교하여 정의됨에 따라, 참조 결합분자와 경쟁 결합분자가 결합하는 에피토프를 실질적으로 결정하는 것은, 참조결합분자와 동일하거나 실질적으로 동일한 에피토프에 결합하는 경쟁 결합분자를 동정하기 위해 어떤 점에서는 요구되지 않는다는 것을 이해할 것이다.

[0131] **실시예**

[0132] 본 발명을 설명하기 위해, 다음의 실시예를 제공한다. 이들 실시예는 본 발명의 범위를 이것으로 제한하려는 것은 아니다.

[0133] **실시예 1**

[0134] *흡소닌 활성에 대해 스크린된 도너로부터 추출된 RNA를 사용한 scFv 파아지 디스플레이 라이브러리의 구축*

[0135] 혈액의 샘플을 최근 그램-양성 세균 감염이 보고된 공여자 및 연령 25-50세의 건강한 성인으로부터 취하였다. 원심분리하여 말초혈액 백혈구를 단리하고 혈액 혈청을 모으고 -80°C로 냉동시켰다. 공여자 혈청을 흡소닌 탐식 사멸 평가(Huebner et al, 1999)를 사용하여 사멸활성에 대해 스크리닝하고 정상의 토끼 혈청과 비교하였다. 정상 혈정보다 큰 탐식활성을 갖는 공여자의 혈청을 선택하여 파아지 디스플레이 라이브러리를 형성하는데 사용하였다. 전체 RNA를 이들 공여자의 말초혈액 백혈구로부터 유기상 분리 및 이어서 에탄올 침전을 사용하여 제조하였다. 얻은 RNA를 RNase-프리 물에 용해시키고 농도를 OD 260nm 측정기를 사용하여 측정하였다. 그리고나서, RNA를 100 ng/ $\mu$ l의 농도로 희석하였다. 그다음, RNA 1 $\mu$ g을 다음과 같이 cDNA로 전환하였다: 전체 RNA 10 $\mu$ l에, DEPC-처리 초순수물 14 $\mu$ l과 무작위 핵사머 1 $\mu$ l(500 ng/ $\mu$ l)를 첨가하고, 얻어진 혼합물을 5분 동안 65°C로 가열하고 습식-열음 상에서 신속히 냉각시켰다. 그리고 나서, 5X 첫번째-가닥 완충액 8 $\mu$ l, dNTP 2 $\mu$ l(각각 10 mM), DTT 2 $\mu$ l(0.1 M), RNase-억제제 2 $\mu$ l(40 U/ $\mu$ l) 및 Superscript™III MmLV 역전사효소 2 $\mu$ l(200 U/ $\mu$ l)를 혼합물에 첨가하고 실온에서 5분 동안 배양하고, 1시간 동안 50°C에서 배양하였다. 반응을 열불활성에 의해, 즉 혼합물을 15분 동안 75°C에서 배양함으로써 종료시켰다. 얻어진 cDNA 산물을 DEPC-처리 초순수 물을 사용하여 최종 부피 200 $\mu$ l로 희석하였다. 얻어진 cDNA 산물의 희석물을 50배 희석시킨 용액(10mM 트리스 완충액 중)의 OD 260 nm를 사용하여 cDNA의 농도를 측정하였다. 각각의 공여자에 대해 희석된 cDNA 산물의 5~10 $\mu$ l를 특이 올리고뉴클레오티드 프라이머(표 1-7 참조)를 사용하여 면역글로불린 감마 중사슬류와 카파 또는 람다 경사슬 서열의 PCR 증폭을 위한 주형으로 사용하였다. 이에 더하여, 하나의 공여자에 대해 면역글로불린 mu 중사슬류와 카파 또는 람다 경사슬 서열의 PCR 증폭을 수행하였다. PCR 반응 혼합물은 희석된 cDNA 산물 이외에, 20mM Tris-HCl(pH 8.4),

50 mM KCl, 1.5 mM MgCl<sub>2</sub>, 250 μM dNTPs 및 1.25 유닛 Taq 폴리머라제의 최종 부피 50μl 중의 25 pmol 센스 프라이머와 25 pmol 안티-센스 프라이머를 함유하였다. 얻어진 혼합물을 96°C의 가열-뚜껑을 갖는 열 사이클러에서 2분 동안 신속히 녹이고, 96°C에서 30초, 55°C 또는 60°C에서 30초 그리고 72°C에서 60초로 이루어진 30 순환을 하였다. 최종적으로, 샘플을 72°C에서 10분 배양하였고 이후 사용까지 4°C에서 냉장보관하였다.

[0136] 첫 증폭 운행에서, 각각의 18개 경사슬 가변 영역 센서 프라이머(람다 경사슬에 대해 12개 (Table 1 참조; HuVL1A-Back, HuVL IB- Back 및 HuVLIC-Back 센서 프라이머들을, HuVL9-Back 및 HuVL10-Back 센서 프라이머와 함께, 사용하기 전에 동등물로 혼합하였다) 및 카파 경사슬에 대해 6개(표 2 참조))를 HuCK-FOR 5'-ACACTCTCCCTGTTGAAGCTCTT-S' (SEQ ID NO: 121) 또는 C-람다 불변 영역 HuCL2-FOR 5'-TGAACATTCTGTAGGGGCCACTG-S' (SEQ ID NO: 122) 및 HuCL7-FOR 5'-AGAGCATTCTGCAGGGGCCACTG-S' (SEQ ID NO: 123)(HuCL2-FOR 및 HuCL7-FOR 안티-센스 프라이머는 사용 전에 동등 몰농도로 혼합하였다)과 결합시키고, 약 650 염기쌍의 산물 15개를 수득하였다. 이들 산물을 아가로스 젤 상에서 정제하고 Qiagen 겔-추출 칼럼을 사용하여 겔로부터 단리시켰다. 각각의 단리된 산물의 1/10을 18개의 센스 프라이머를 이용하는 상기와 동일한 OCR 반응에 사용하였고, 그것에 의해 각각의 람다 경사슬 센스 프라이머는 3개의 J람다-영역 특이 안티-센스 프라이머 중 하나와 결합하였고 그리고 각각의 카파 경사슬 센스 프라이머는 5개의 J카파-영역 특이 안티-센스 프라이머 중 하나와 결합하였다(표 3 참조; HuVL1A-Back-SAL, HuVL1B-Back-SAL 및 HuVL1C-Back-SAL 센스 프라이머는 사용 전에 동등물로 HuVL9-Back-SAL 및 HuVL10-Back-SAL 센스 프라이머와 함께 혼합되었다). 두번째 증폭에 사용된 센스 프라이머는 첫번째 증폭에 사용된 것과 동일하지만 파아지 디스플레이 벡터 PDV-C06 (SEQ ID NO: 124)에서 지향된 클로닝이 가능하도록 제한 부위(표 3 참조)로 연장된 프라이머이다. 이것은 라이브러리 내의 다양한 J 세그먼트와 경사슬 류의 천연 분포를 유지하고 특정류가 과대 또는 과소평가되지 않도록 표 4에 나타난 바와 같이 풀된 약 400 염기쌍의 57 산물을 가져왔다. 풀된 산물을 Qiagen PCR 정제 칼럼을 사용하여 정제하였다. 다음 단계에서, 풀된 산물 3 μg과 PDV-C06 벡터 100 μg을 SaiI과 NotI 소화시키고 겔로부터 정제하였다. 그리고 나서, 다음과 같이 16°C에서 밤새도록 걸찰을 수행하였다. PDV-C06 벡터 500 ng에 35, 70 또는 140 ng의 풀된 산물을 50 mM Tris-HCl (pH 7.5), 10 mM MgCl<sub>2</sub>, 10 mM DTT, 1 mM ATP, 25 μg/ml BSA 및 2.5 μl T4 DNA 리가제 (400 U/μl)을 함유하는, 총 부피 50μl의 걸찰 혼합물로 첨가하였다. 걸찰 혼합물을 페놀/클로로포름 추출, 이어서 클로로포름 추출과 에탄올 침전으로 정제하였고, 이 방법은 당업자에게 잘 알려져 있다. 얻어진 DNA를 50 μl의 10 mM Tris-HCl pH 8.5에 용해시키고 걸찰 혼합물 당 1 또는 2μl를 제조사 지침(Stratagene)에 따라 TG1 경쟁 *E. coli* 세균 40 μl으로 일렉트로포레이트시켰다. 형질전환체를 밤새도록 37°C에서 압피실린 50 μg/ml과 4.5 % 글리코스가 보충된 2TY 아가 상에서 성장시켰다. 삽입 비율에 대한 최적 벡터를 결정하기 위해 콜로니를 계수하였다. 최적 비율의 걸찰 혼합물로부터, 여러 개의 1 또는 2μl 분취량을 상기와 같이 일렉트로포레이트하고 형질전환체를 37°C에서 밤새도록 성장시켜, ~10<sup>7</sup>의 콜로니를 수득하였다. 가변 경사슬 영역의 (서브)라이브러리를 아가 플레이트로부터 형질전환체를 스크래핑하려 얻었다. 이 (서브)라이브러리를 Qiagen™ QIAfilter MAXI prep 키트를 이용한 플라스미드 DNA 제조에 직접 사용하였다.

[0137] 중사슬 번역클로닝된 서열을 표 5와 6에 나타난 프라이머를 사용하는 조건으로 경사슬 영역에 대한 상기 기재와 동일한 cDNA 제제로부터 유사한 2회 PCR 과정과 동일한 반응 계수로 증폭하였다. 첫번째 증폭은 각각 HuCIgG 5'-GTC CAC CTT GGT GTT GCT GGG CTT-3' (SEQ ID NO: 125)로 불리는 IgG 특이 일정 영역 안티-센스 프라이머와 결합한 8개의 센스 지향 프라이머 세트를 사용하여 수행하였고(표 5 참조; HuVH1B/7A-Back 및 HuVH1C-Back 센스 프라이머를 사용전에 동등몰농도로 혼합하였다), 약 650 염기쌍의 산물 7개를 수득하였다. 한 공여자의 경우, HuCIgM 5'-TGG AAG AGG CAC GTT CTT TTC TTT-3' (SEQ ID NO: 126)로 불리는 IgM 특이 일정 영역 안티-센스 프라이머를 프라이머 HuCIgG 대신 사용하였다. 산물을 아가로스 젤에서 정제하고 Qiagen 겔-추출 칼럼을 사용하여 겔로부터 단리하였다. 각각의 단리된 산물의 1/10을 8개의 센스 프라이머를 사용하는 상기와 같이 동일한 PCR 반응에 사용하였고, 그것에 의해, 각각의 중사슬 센스 프라이머는 4개의 JH-영역 특이 안티-센스 프라이머와 결합하였다(표 6 참조; HuVH1B/7A-Back-Sfi 및 HuVH1C-Back-Sfi 센스 프라이머는 사용 전에 동등 몰농도로 혼합되었다).

[0138] 두번째 운행에 사용된 센스 프라이머는 첫번째 증폭에 사용된 프라이머와 동일하지만, 경사슬(서브)라이브러리 벡터의 지향된 클로닝이 가능하도록 제한 부위(표 6 참조)로 연장된 프라이머이다. 이것은 라이브러리 내의 다양한 J 세그먼트와 중사슬 류의 천연 분포를 유지하고 특정류가 과대 또는 과소평가되지 않도록 표 7에 나타난 바와 같이 풀된 약 400 염기쌍의 28개의 산물을 가져온다. 풀된 산물을 Qiagen PCR 정제 칼럼을 사용하여 정제하였다. 다음에, 정제된 산물 3 μg을 SfiI 및 XhoI으로 소화시키고 경사슬 (서브)라이브러리 벡터에 걸찰하였고, 이것을 경사슬 (서브)라이브러리에 대해 위에서 기재된 동일한 걸찰 과정과 부피를 사용하여 동일

한 제한 효소로 절단하였다. 결합 혼합 정제 및 이어진 생성된 한정 라이브러리의 형질전환은 경사슬 (서브) 라이브러리에 대해 위에서 기재한 바와 같이 수행될 수 있다. 통상적으로  $\sim 10^7$ 의 세균이 암피실린  $50\mu\text{g/ml}$  및 글루코스 4.5%를 함유하는 2TY 배지에서 수확되었고, 글리세롤과 15% (v/v)로 혼합되고  $-80^\circ\text{C}$ 로 분취량 1.5ml로 냉동되었다. 각각의 라이브러리의 구제와 선택은 다음과 같이 수행하였다.

[0139] 여러 라이브러리를 다음과 같이 명명하였다: GPB-05-M01, GPB-05-G01, GPB-05-G02, GPB-05-G03, GPB-05-G04 및 GPB-05-G05. 2개의 다른 라이브러리, RAB-03-G01 및 RAB-04-G01를 국제특허출원 WO 2005/118644의 기재에 따라, 상기 과정과 유사한 방법으로 구축하였다.

[0140] 실시예 2

[0141] 메모리 B 세포로부터 추출된 RNA를 사용한 scFv 파아지 디스플레이 라이브러리의 구축

[0142] 정상인 건강한 공여자, 회복기 공여자 또는 EDTA 항-응고 샘플 튜브를 이용한 정맥천공(venapunction)에 의해 집중된 공여자로부터 말초 혈액을 수집하였다. 혈액 샘플(45 ml)을 PBS로 2회 희석하고 30 ml의 분취량을 10 ml Ficoll-Hypaque (Pharmacia)의 밀에 넣고 멈춤없이 실온에서 20분 동안  $900\times g$ 에서 원심분리하였다. 상등액을 림프구와 혈소판 분획을 함유하는 백색층 바로 위까지 조심스럽게 제거하였다. 그 다음, 이 층을 조심스럽게 제거하고( $\sim 10$  ml), 깨끗한 50 ml 튜브로 옮기고 40ml PBS로 3회 세척하고  $400\times g$ 에서 10분 동안 실온에서 혈소판을 제거하기 위해 회전시켰다. 림프구를 함유하는 얻어진 펠렛을 2% FBS를 함유하는 RPMI 매질에 재현탁시키고 세포를 계수하여 세포수를 측정하였다. 약  $1\times 10^8$  림프구를 형광 세포 정렬을 위해 염색시키고 CD24, CD27 및 표면 IgM을 마커로서 사용하여 스위치하고 IgM 메모리 B 세포를 단리하였다. 산출모드(Yield Mode)에 맞춘 Becton Dickinson Digital Vantage 장치를 물리적 메모리 B 세포 정렬 및 단리에 사용하였다. 림프구를 FSC/SSC 윈도우로부터 작은 콤팩트 개체로서 게이트시켰다. 메모리 B 세포(CD24+/CD27+)를 나이브 B 세포(CD24+/CD27-)와 메모리 T 세포(CD24-/CD27+)로부터 순차적으로 분리하였다. 다음 단계에서, IgM 메모리 B 세포(IgM+)를 스위치 메모리 B 세포(IgM-)로부터 IgM 발현을 이용하여 분리하였다. 이 단계에서, IgM 메모리 B 세포와 스위치 메모리 B 세포를 별개의 샘플 튜브에 보관하였다. 각각의 개체군의  $1\times 10^5$  내지  $1\times 10^6$  세포를 DMEM/50% FBS에서 수집하였고 완전히 분류한 후 그들을 각각  $400\times g$ 에서 10분 동안 원심분리하였다. 그리고 나서, 분류된 IgM 메모리 B 세포를, 중사슬 면역글로불린 서열의 1회 증폭에서 프라이머 HuCIgM를 사용하여, 실시예 1에 기재된 방법에 따라 라이브러리 구축을 위한 출발물질로서 사용하였다. 얻은 여러 라이브러리를 MEM-05-M01, MEM-05-M02, MEM-05-M03, MEM-05-M04, MEM-05-M05, MEM-05-M06, MEM-05-M07, MEM-05-M08, MEM-05-M09 및 MEM-05-M10로 명명하였다.

[0143] 실시예 3

[0144] 장내구균에 특이적으로 결합하는 단일 사슬 Fv 단편을 운반하는 파아지의 선택

[0145] 미국 특허 제6,265,150호 및 WO 98/15833 (둘 다 본 명세서에 참조로서 병합된다)에 특히 기재된 바와 같이, 항체 파아지 디스플레이 라이브러리, 일반 파아지 디스플레이 기술 및 MAbstract® 기술을 사용하여 항체 단편을 선택하였다. 사용된 항체 파아지 라이브러리는 실시예 1에 기재된 바와 같이 제조된 공여자 라이브러리, 실시예 2에 기재된 바와 같이 제조된 IgM 메모리 라이브러리를 스크리닝하였다. WO 02/103012(본 명세서에 참조로 병합)에 기재된 바와 같은 방법 및 헬퍼 파아지를 본 발명에 사용하였다. 장내구균을 인식하는 파아지 항체를 동정하기 위해, 파아지 선택 실험을 현탁액 중의 살아있는 세균 또는 면역튜브에 고정화된 세균을 사용하여 수행하였다. 사용된 균주를 표 8에 기재하였다. 모든 파아지 항체를 선택물로부터 단리시키고 여기서 적어도 하나의 단계에서 현탁액 중의 *E. faecalis* 12030을 사용하였다. SC05-159와 SC05-166으로 불리는 파아지 항체는 원래, 고정화된 *E. faecalis* 12030을 이용한 선택에 의해 단리되었지만, 후자는 또한 현탁액 중의 *E. faecalis* 12030을 사용하여 단리되었다.

[0146] 현탁액 중의 세균을 사용한 선택을 다음과 같이 수행하였다. 세균을  $37^\circ\text{C}$ 에서 혈액 아가 플레이트 상에서 밤새도록 성장시키고  $5\times 10^9$ 의 농도로 2% BSA 또는 2% ELK를 함유하는 RBS로 스크랩하고 실온에서 30분 동안 배양하였다. 파아지 라이브러리의 분취량(약  $10^{13}$  cfu, CT 헬퍼 파아지를 사용하여 증폭(WO 02/103012 참조))를 차단 완충액(PBS 중의 2% ELK 또는 2% BSA) 중에서 실온에서 0.5~2시간 동안 차단하였다. 차단된 파아지 라이브러리를 차단된 세균 현탁액에 첨가하여 총 부피를 1ml로 만들고 회전하는 회전자(5rpm)에서 실온에서 2시간동안 배양하였다. 현탁액을 실온에서 3분 동안  $6800\times g$ 로 원심분리하고 상등액을 버렸다. 세균을 0.05% v/v Tween-20을 함유하는 차단 완충액으로 3~8회 세척하고, 그리고 나서 차단 완충액으로 3~8회 세척하여 결합하지 않은 파아지



를 제거하였다. 결합된 파아지를 회전하는 회전자(5rpm)에서 실온에서 7분 동안 0.1M 트리에틸아민 1ml로 항원 으로부터 용출하였다. 현탁액을 실온에서 3분 동안 1700×g에서 원심분리하고 그리고 나서 상등액을 pH 7.5의 1M Tris-HCl 0.5ml와 혼합하여 pH를 중화시켰다. 이 혼합물을 약 0.3의 OD 600nm까지 37°C에서 성장된 XL1-블루 *E. coli* 배지 5ml를 감염시키는데 사용하였다. 이 파아지로 30분 동안 37°C에서 XL1-Blue 세균을 감염시켰다. 그리고 나서, 혼합물을 10분 동안 3200×g에서 실온에서 원심분리하였고, 세균 펠렛을 2-트립톤 이스트 추출물 (2TY) 매질 0.5ml에 재현탁시켰다. 얻어진 세균 현탁물을 테트라실린, 암피실린 및 글루코스가 보충된 2개의 2TY 아가 플레이트에 걸쳐 분배하였다. 플레이트를 37°C에서 밤새도록 배양한 후, 콜로니를 플레이트로부터 닦아내고, De Kruif et al. (1995a) 및 WO 02/103012에 기재된 바와 같이 풍부한 파아지 라이브러리를 제조하는데 사용하였다. 간단히 말하면, 닦아낸 세균을 암피실린, 테트라실린 및 글루코스를 함유하는 2TY 매질을 접종하는데 사용하였고 ~0.3의 OD 600nm로 37°C에서 성장시켰다. CT 헬퍼 파아지를 첨가하고 세균을 감염시키고 그 후 매질을 암피실린, 테트라실린과 카나마이신을 함유하는 2TY로 바꾸었다. 배양을 밤새도록 30°C에서 계속하였다. 다음날, 세균을 원심분리에 의해 2TY 매질로부터 제거하고 매질에 있는 파아지를 폴리에틸렌 글리콜(PEG) 6000/NaCl을 사용하여 침전시켰다. 마지막으로, 파아지를 1% 송아지 혈청 알부민(BSA)를 갖는 PBS 2ml에 용해시키고 여과-살균하고 이후의 선택 실행에 사용하였다.

[0147] 면역튜브에 고정된 세균을 사용한 선택을 다음과 같이 수행하였다. 세균을 혈액 아가 플레이트에서 37°C에서 밤새도록 성장시키고  $5 \times 10^9$  세균/ml의 농도에서 탄산 완충액으로 스크랩하였다. 2ml를 MaxiSorp Nunc-Immuno 튜브(Nunc)에 첨가하고 밤새도록 4°C에서 회전자(5 rpm)에서 배양하였다. 튜브를 비우고 PBS로 3회 세척하였다. (CT 헬퍼 파아지로 증폭된, 약  $10^{13}$  cfu(WO 02/103012 참조)) 튜브와 파아지 라이브러리 분취량 모두를 차단 완충액(2% ELK, 2% BSA 또는 PBS 중의 1% Protifar)으로 실온에서 0.5-2 시간 동안 차단시켰다. 튜브를 비우고, 차단된 파아지 라이브러리를 첨가하고 튜브를 2시간 동안 실온에서 회전자(5rpm)에서 배양하였다. 튜브를 0.1% (v/v) Tween-20을 함유하는 PBS로 5~15회 세척하고, 그리고 나서 PBS로 5~15회 세척하여 결합되지 않은 파아지를 제거하였다. 결합된 파아지를 회전자(5rpm)에서 실온에서 10분간 0.1M 트리에틸아민 또는 50mM 글리신-HCl 1.5ml로 pH 2.2에서 배양하였다. 용출된 파아지를 1M Tris-HCl 0.5ml, pH 7.5와 혼합하여 pH를 중화시켰다. 이후의 XL1-Blue *E. coli* 세균, 감염된 세균이 성장하고 그리고 풍부한 파아지 라이브러리를, 현탁액 중의 세균을 사용한 선택에 관한 상기와 같이 수행하여 선택하였다.

[0148] 통상적으로, 개별적인 파아지 항체를 단리하기 전에 2회의 선택을 수행한다. 선택은 세균의 동일한 균주에서 2회 수행되거나 또는 다른 균주가 순차적으로 사용된다. 2회의 선택 후, 개개의 *E. coli* 콜로니를 사용하여 모노클로날 파아지 항체를 사용하였다. 본질적으로, 개개의 콜로니는 대수증식으로 성장하고 CT 또는 VCSM13 헬퍼 파아지로 감염되고 그 후 파아지 항체를 밤새도록 생산하였다. 생산된 파아지 항체는 PEG/NaCl-침전되고 그리고 여과-멸균되고 그리고 ELISA에서 상기와 같이 제조된 장내구균에 결합하는지에 대해 시험된다.

[0149] 실시예 4

[0150] 장내구균 특이 단일-사슬 파아지 항체의 확인

[0151] 상기 스크리닝에 의해 얻은 선택된 단일-사슬 파아지 항체를 ELISA에서 특이 장내구균 결합 활성에 대해 확인하였고, 즉 상기와 같이 제조된 하나 이상의 장내구균에 결합하는 것을 확인하였다.  $2.5 \times 10^8$  세균을 밤새도록 4°C에서 50mM 탄산 완충액 50μl, pH 9.6 중에서 Maxisodxnrp™ ELISA 플레이트에 코팅하였다. 음성 대조로서, PBS(pH 7.4)중에 복합 항원 2% ELK 및 1% BSA 모두를 코팅하였다. 웰을 0.1% (v/v) Tween-20을 함유하는 PBS에서 세척하고 2% ELK를 함유하는 PBS 300μl로 최소한 1시간 실온에서 차단시켰다. 선택된 단일-사슬 파아지 항체를 2% ELK를 함유하는 PBS의 동일 부피에서 15분 동안 배양하여 차단된 파아지 항체를 얻었다. 플레이트를 비우고 차단된 단일-사슬 파아지 항체를 웰에 첨가하였다. 실온에서 한시간 동안 배양시키고, 플레이트를 0.1% (v/v) Tween-20을 함유하는 PBS로 세척하고 결합된 파아지 항체를 퍼옥시다제에 컨쥬게이킹된 항-M13 항체를 사용하여 검출하였다. 분광광도계를 사용하여 492nm에서 흡광도를 측정하였다. 대조로서, 단일-사슬 항체없이 그리고 웨스트 나일 바이러스 외피 단백질(SC04-374)에 대해 지향된 음성 대조 단일-사슬 파아지 항체로 동시에 수행하였다. 표 9에 나타낸 바와 같이, SC05-140, SC05-157, SC05-159, SC05-166, SC05-179, SC05-187, SC06-016, SC06-043, SC06-049, SC06-050, SC06-071, SC06-077, SC06-078, SC06-079, SC06-086, SC06-087, SC06-089, SC06-092, SC06-191, SC06-195, SC06-198, SC06-241, SC06-242, SC06-246, SC06-252, SC06-388, SC06-389, SC06-396, SC06-402, SC06-409, SC06-415, SC06-421, SC06-429 및 SC06-432로 불리는 선택된 파아지 항체는 특이적으로 *Enterococcus faecalis* 균주 12030에 결합하였다. SC05-140와 SC06-421를 예외로 하고, 선택된

파아지 항체 중 어느 것도 음성 대조 항원 ELK와 BSA에 어느 검출가능한 결합을 나타내지 않았다.

[0152] 실시예 5

[0153] 장내구균 특이 scFvs의 특성화

[0154] 선택된 특이 단일-사슬 파아지 항체(scFv)로부터 클론 플라즈미드 DNA를 얻었고 뉴클레오티드 서열을 표준 기술에 따라 결정하였다.

[0155] SC05-140, SC05-157, SC05-159, SC05-166, SC05-179, SC05-187, SC06-016, SC06-043, SC06-049, SC05-050, SC06-071, SC06-077, SC06-078, SC06-079, SC06-086, SC06-087, SC06-089, SC06-092, SC06-191, SC06-195, SC06-198, SC06-241, SC06-242, SC06-246, SC06-252, SC06-388, SC06-389, SC06-396, SC06-402, SC06-409, SC06-415, SC06-421, SC06-429, 및 SC06-432로 불리는 (클로닝을 위한 제한 부위를 포함하는) scFv의 뉴클레오티드 서열들을 각각 SEQ ID NO:350, SEQ ID NO:352, SEQ ID NO:61, SEQ ID NO:63, SEQ ID NO:354, SEQ ID NO:65, SEQ ID NO:67, SEQ ID NO:69, SEQ ID NO:71, SEQ ID NO:356, SEQ ID NO:73, SEQ ID NO:358, SEQ ID NO:75, SEQ ID NO:360, SEQ ID NO:362, SEQ ID NO:206, SEQ ID NO:208, SEQ ID NO:364, SEQ ID NO:366, SEQ ID NO:368, SEQ ID NO:370, SEQ ID NO:77, SEQ ID NO:372, SEQ ID NO:374, SEQ ID NO:79, SEQ ID NO:376, SEQ ID NO:378, SEQ ID NO:380, SEQ ID NO:382, SEQ ID NO:384, SEQ ID NO:386, SEQ ID NO:388, SEQ ID NO:390 및 SEQ ID NO:392에 나타내었다. SC05-140, SC05-157, SC05-159, SC05-166, SC05-179, SC05-187, SC06-016, SC06-043, SC06-049, SC05-050, SC06-071, SC06-077, SC06-078, SC06-079, SC06-086, SC06-087, SC06-089, SC06-092, SC06-191, SC06-195, SC06-198, SC06-241, SC06-242, SC06-246, SC06-252, SC06-388, SC06-389, SC06-396, SC06-402, SC06-409, SC06-415, SC06-421, SC06-429, 및 SC06-432로 불리는 scFv의 아미노산 서열을 각각 SEQ ID NO:351, SEQ ID NO:353, SEQ ID NO:62, SEQ ID NO:64, SEQ ID NO:355, SEQ ID NO:66, SEQ ID NO:68, SEQ ID NO:70, SEQ ID NO:72, SEQ ID NO:357, SEQ ID NO:74, SEQ ID NO:359, SEQ ID NO:76, SEQ ID NO:361, SEQ ID NO:363, SEQ ID NO:207, SEQ ID NO:209, SEQ ID NO:365, SEQ ID NO:367, SEQ ID NO:369, SEQ ID NO:371, SEQ ID NO:78, SEQ ID NO:373, SEQ ID NO:375, SEQ ID NO:80, SEQ ID NO:377, SEQ ID NO:379, SEQ ID NO:381, SEQ ID NO:383, SEQ ID NO:385, SEQ ID NO:387, SEQ ID NO:389, SEQ ID NO:391 및 SEQ ID NO:393에 나타내었다. VH 및 VL 유전자 동정(Tomlinson IM, Williams SC, Ignatovitch O, Corbett SJ, Winter G. VBASE Sequence Directory. Cambridge United Kingdom: MRC Centre for Protein Engineering (1997) 참조) 및 장내구균에 특이적으로 결합하는 scFv의 CDR 서열을 각각 표 10과 표 11에 나타내었다.

[0156] 실시예 6

[0157] 선택된 항-장내구균 단일 사슬 Fvs로부터 완전한 인간 면역글로불린 분자(인간 모노클로날 항-장내구균 항체)의 구축

[0158] SC05-140, SC05-157, SC05-159, SC05-166, SC05-179, SC05-187, SC06-016, SC06-043, SC06-049, SC05-050, SC06-071, SC06-077, SC06-078, SC06-079, SC06-086, SC06-087, SC06-089, SC06-092, SC06-191, SC06-195, SC06-198, SC06-241, SC06-242, SC06-246, SC06-252, SC06-388, SC06-389, SC06-396, SC06-402, SC06-409, SC06-415, SC06-421, SC06-429, 및 SC06-432로 불리는 scFv의 중사슬 및 경사슬 가변 영역을 IgG 발현 벡터 pIg-C911-HCgammal (SEQ ID NO:127), pIg-C909-Ckappa (SEQ ID NO:128) 및 pIg-C910-Clambda (SEQ ID NO:129)에서 발현을 위해 제한 소화에 의해 직접 클론하였다. SC05-140, SC05-157, SC05-159, SC05-166, SC05-179, SC05-187, SC06-016, SC06-043, SC06-049, SC05-050, SC06-071, SC06-077, SC06-078, SC06-079, SC06-086, SC06-087, SC06-089, SC06-092, SC06-191, SC06-195, SC06-198, SC06-241, SC06-242, SC06-246, SC06-252, SC06-388, SC06-389, SC06-396, SC06-402, SC06-409, SC06-415, SC06-421, SC06-429, 및 SC06-432로 불리는 scFv 중사슬 가변 영역을 효소 SfiI 및 XhoI을 사용한 제한 소화에 의해 벡터 pIg-C911-HCgammal로 클론하였다. SC06-016, SC06-050, SC06-077, SC06-086, SC06-191, SC06-241, SC06-396, 및 SC06-429로 불리는 scFv의 경사슬 가변 영역을 효소 SaiI, XhoI 및 NotI을 이용한 제한 소화에 의해 벡터 pIg-C909-Ckappa로 클론하였다. SC05-140, SC05-157, SC05-159, SC05-166, SC05-179, SC05-187, SC06-043, SC06-049, SC06-071, SC06-078, SC06-079, SC06-087, SC06-089, SC06-092, SC06-195, SC06-198, SC06-242, SC06-246, SC06-252, SC06-388, SC06-389, SC06-402, SC06-409, SC06-415, SC06-421, 및 SC06-432로 불리는 scFv의 경사슬 가변 영역을 SaiI, XhoI 및 NotI을 이용한 제한 소화에 의해 벡터 pIg-C910-Clambda로 클론하였다. 그리고 나서, 뉴클레오티드 서열을 본 분야의 당업자에 의해 알려진 표준 기술에 따라 확인하였다.

[0159] 항-장내구균 인간 IgG1 중사슬을 암호화하는, 생성된 발현 pgG 105-140C911, pgG105-157C911, pgG105-159C911,

pgG105-166C911, pgG105-179C911, pgG105-187C911, pgG106-016C911, pgG106-043C911, pgG106-049C911, pgG106-050C911, pgG106-071C911, pgG106-077C911, pgG106-078C911, pgG106-079C911, pgG106-086C911, pgG106-087C911, pgG106-089C911, pgG106-092C911, pgG106-191C911, pgG106-195C911, pgG106-198C911, pgG106-0241C911, pgG106-242C911, pgG106-246C911, pgG106-252C911, pgG106-388C911, pgG106-389C911, pgG106-396C911, pgG106-402C911, pgG106-409C911, pgG106-415C911, pgG106-421C911, pgG106-429C911, 및 pgG106-432C911, 그리고 항-장내구균 인간 Ig 경사슬을 암호화하는 pgG105-140C910, pgG105-157C910, pgG105-159C910, pgG105-166C910, pgG105-179C910, pgG105-187C910, pgG106-016C909, pgG106-043C910, pgG106-049C910, pgG106-050C909, pgG106-071C910, pgG106-077C909, pgG106-078C910, pgG106-079C910, pgG106-086C909, pgG106-087C910, pgG106-089C910, pgG106-092C910, pgG106-191C909, pgG106-195C910, pgG106-198C910, pgG106-0241C909, pgG106-242C910, pgG106-246C910, pgG106-252C910, pgG106-388C910, pgG106-389C910, pgG106-396C909, pgG106-402C910, pgG106-409C910, pgG106-415C910, pgG106-421C910, pgG106-429C909, 및 pgG106-432C910를 293T 세포에 결합하여 임시로 발현시키고 인간 IgG1 항체를 함유하는 상등액을 얻었다.

[0160] CR5140, CR5157, CR5159, CR5166, CR5179, CR5187, CR6016, CR6043, CR6049, CR6050, CR6071, CR6077, CR6078, CR6079, CR6086, CR6087, CR6089, CR6092, CR6191, CR6195, CR6198, CR6241, CR6242, CR6246, CR6252, CR6388, CR6389, CR6396, CR6402, CR6409, CR6415, CR6421, CR6429, 및 CR6432로 불리는 항체의 중사슬의 뉴클레오티드 서열을 각각 SEQ ID NO:394, SEQ ID NO:396, SEQ ID NO:81, SEQ ID NO:83, SEQ ID NO:398, SEQ ID NO:85, SEQ ID NO:87, SEQ ID NO:89, SEQ ID NO:91, SEQ ID NO:400, SEQ ID NO:93, SEQ ID NO:402, SEQ ID NO:95, SEQ ID NO:404, SEQ ID NO:406, SEQ ID NO:210, SEQ ID NO:212, SEQ ID NO:408, SEQ ID NO:410, SEQ ID NO:412, SEQ ID NO:414, SEQ ID NO:97, SEQ ID NO:416, SEQ ID NO:418, SEQ ID NO:99, SEQ ID NO:420, SEQ ID NO:422, SEQ ID NO:424, SEQ ID NO:426, SEQ ID NO:428, SEQ ID NO:430, SEQ ID NO:432, SEQ ID NO:434, 및 SEQ ID NO:436에 나타내었다. CR5140, CR5157, CR5159, CR5166, CR5179, CR5187, CR6016, CR6043, CR6049, CR6050, CR6071, CR6077, CR6078, CR6079, CR6086, CR6087, CR6089, CR6092, CR6191, CR6195, CR6198, CR6241, CR6242, CR6246, CR6252, CR6388, CR6389, CR6396, CR6402, CR6409, CR6415, CR6421, CR6429, 및 CR6432로 불리는 중사슬 아미노산 서열을 각각 SEQ ID NO:395, SEQ ID NO:397, SEQ ID NO:82, SEQ ID NO:84, SEQ ID NO:399, SEQ ID NO:86, SEQ ID NO:88, SEQ ID NO:90, SEQ ID NO:92, SEQ ID NO:401, SEQ ID NO:94, SEQ ID NO:403, SEQ ID NO:96, SEQ ID NO:405, SEQ ID NO:407, SEQ ID NO:211, SEQ ID NO:213, SEQ ID NO:409, SEQ ID NO:411, SEQ ID NO:413, SEQ ID NO:415, SEQ ID NO:98, SEQ ID NO:417, SEQ ID NO:419, SEQ ID NO:100, SEQ ID NO:421, SEQ ID NO:423, SEQ ID NO:425, SEQ ID NO:427, SEQ ID NO:429, SEQ ID NO:431, SEQ ID NO:433, SEQ ID NO:435, 및 SEQ ID NO:437에 나타내었다.

[0161] 항체 CR5140, CR5157, CR5159, CR5166, CR5179, CR5187, CR6016, CR6043, CR6049, CR6050, CR6071, CR6077, CR6078, CR6079, CR6086, CR6087, CR6089, CR6092, CR6191, CR6195, CR6198, CR6241, CR6242, CR6246, CR6252, CR6388, CR6389, CR6396, CR6402, CR6409, CR6415, CR6421, CR6429, 및 CR6432의 경사슬의 뉴클레오티드 서열을 각각 SEQ ID NO:438, SEQ ID NO:440, SEQ ID NO:101, SEQ ID NO:103, SEQ ID NO:442, SEQ ID NO:105, SEQ ID NO:107, SEQ ID NO:109, SEQ ID NO: 111, SEQ ID NO:444, SEQ ID NO: 113, SEQ ID NO:446, SEQ ID NO:115, SEQ ID NO:448, SEQ ID NO:450, SEQ ID NO:214, SEQ ID NO:216, SEQ ID NO:452, SEQ ID NO:454, SEQ ID NO:456, SEQ ID NO:458, SEQ ID NO: 117, SEQ ID NO:460, SEQ ID NO:462, SEQ ID NO: 119, SEQ ID NO:464, SEQ ID NO:466, SEQ ID NO:468, SEQ ID NO:470, SEQ ID NO:472, SEQ ID NO:474, SEQ ID NO:476, SEQ ID NO:478, 및 SEQ ID NO:480에 나타내었다. 항체 CR5140, CR5157, CR5159, CR5166, CR5179, CR5187, CR6016, CR6043, CR6049, CR6050, CR6071, CR6077, CR6078, CR6079, CR6086, CR6087, CR6089, CR6092, CR6191, CR6195, CR6198, CR6241, CR6242, CR6246, CR6252, CR6388, CR6389, CR6396, CR6402, CR6409, CR6415, CR6421, CR6429, 및 CR6432의 경사슬 아미노산 서열을 각각, SEQ ID NO:439, SEQ ID NO:441, SEQ ID NO:102, SEQ ID NO:104, SEQ ID NO:443, SEQ ID NO:106, SEQ ID NO:108, SEQ ID NO:110, SEQ ID NO:112, SEQ ID NO:445, SEQ ID NO: 114, SEQ ID NO:447, SEQ ID NO: 116, SEQ ID NO:449, SEQ ID NO:451, SEQ ID NO:215, SEQ ID NO:217, SEQ ID NO:453, SEQ ID NO:455, SEQ ID NO:457, SEQ ID NO:459, SEQ ID NO: 118, SEQ ID NO:461, SEQ ID NO:463, SEQ ID NO: 120, SEQ ID NO:465, SEQ ID NO:467, SEQ ID NO:469, SEQ ID NO:471, SEQ ID NO:473, SEQ ID NO:475, SEQ ID NO:477, SEQ ID NO:479, 및 SEQ ID NO:481에 나타내었다. 본 분야의 당업자는 상기 항체의 중사슬 및 경사슬의 가변 영역을 Sequences of Proteins of Immunological Interest, US Dept. Health and Human Services, NIH, USA (fifth edition)에 기재된 바와 같이 Kabat et al. (1991)에 따라 결정할 수 있다. 항체의 가변 영역들을 표 12에 나타내었다.

[0162] 인간 항-장내구균 IgG1을 본질적으로 상기 scFv에 대하여 기재한 바와 같이 장내구균에 결합하는 그들의 능력에 대해 확인하였다; IgG를 다음의 IgG1를 제외하고 5g/ml의 농도에서 평가하였다: CR6191는 1.6 g/ml, CR6195는 3.1 g/ml, CR6198는 4.1 g/ml, CR6241는 2.1 g/ml, CR6246는 2.6 g/ml 그리고 CR6252는 3.0 g/ml에서 평가하였다. 음성 대조는 항-웨스트 나일 바이러스 항체였다(CR4374). 이에 더하여, 인간 항-장내구균 IgG1 항체를 *Enterococcus faecalis* 및 *Enterococcus faecium*의 다양한 임상 단리물에 대한 그들의 결합 능력에 대해 평가하였다(표 13). 항체는 단리물에 결합하는 것으로 간주되었고, 개개의 실험 내의 가치는 개개의 실험의 음성 대조의 값과 비교하여 적어도 3배였다. 표 13의 음성 대조의 값은 6회 실험의 평균이다. CR5157, CR5179, CR6016, CR6043, CR6050, CR6246, CR6388, CR6409 및 *Enterococcus faecalis* 균주 12030에 특이적으로 결합하는 음성 대조 항체를 제외한 모든 항체 그리고 CR5157, CR6016, CR6043, CR6050, CR6241, CR6242, CR6246, CR6388 및 CR6409를 제외한 모든 IgG1 항체는 하나 이상의 임상 단리물에 결합하였다. 항체 CR5187, CR6049, CR6396, CR6402 및 CR6421는 시험된 모든 *Enterococcus faecalis* 균주에 결합하였고 2개의 *Enterococcus faecium* 균주가 시험되었다. 선택적으로, 각 항체의 1mg을 초과하는 배치를 생산하였고 표준 과정을 사용하여 정제하였다.

[0163] 실시예 7

[0164] 흡소닌 탐식 사멸 활성에 의해 측정된 인 비트로 장내구균 특이 IgGs의 흡소닌 탐식활성

[0165] 흡소닌 탐식평가를 장내구균 임상 단리물 12030에 대한 항-장내구균 인간 IgG1의 사멸 활성을 정량화하기 위해 수행하였다. 신선하게 취한 인간 혈액(10 ~ 30ml)을 동 부피의 텍스트린-헤파린 완충액(텍스트린 4.5g, Sigma Chemical, St. Louis; 증류수 500ml 중의 헤파린 나트륨 28.4 mg)과 혼합하고, 혼합물을 37°C에서 1시간 동안 배양하였다. 백혈구를 함유하는 상부층을 원심분리로 수집하고, 나머지 적혈구의 저장 용해를 세포 펠렛을 1%(w/v) NH<sub>4</sub>Cl 중에 현탁시켜 수행하였다. 그 후 백혈구 개체를 15% 송아지 태아 혈청을 갖는 RPMI에서 세척하였다. 트립신 블루 염색과 혈구계산기의 계수를 이용하여 생 백혈구의 농도를 계산하였고, 그리고 최종 백혈구 농도를  $2 \times 10^7$  세포/ml로 조절하였다. 식세포활성 평가를 세균(농도를 분광광도계로 ml당  $2 \times 10^7$ 로 조절하고 생육 계수로 확인) 100  $\mu$ l, RPMI 중에서 희석된 항-장내구균 인간 IgG1 100  $\mu$ l, 및 토끼 새끼 보체 100  $\mu$ l에 백혈구 현탁액 100  $\mu$ l을 첨가하거나 또는 첨가없이 이중으로 수행하였다. 반응 혼합물을 90분 동안 37°C에서 회전 랙에서 배양하였고; 샘플을 시간 0과 90분 후에 취하고, 1% 프로테아제 펩톤(Difco Laboratories, Detroit, Mich.)으로 희석하고, 그리고 트립신 소이 아가 플레이트 상에 도금하였다. 항체의 사멸활성(%)을 백혈구가 없는 살아있는 CFU의 평균에서 백혈구를 함유하는 샘플에서 CFU의 평균을 빼고, 후자로 나누고 100을 곱하여 계산하였다. 항-장내구균 인간 IgG1의 4 농도(2500, 250, 25, 2.5 ng/ml)를 두개의 별개의 실험에서 시험하였다. 프로빗 모델을 적용하는 서열 회귀분석을 사용하여 평가에서 세균의 50% 사멸에 요구되는 농도를 계산하였다(표 14 참조).

[0166] 실시예 8

[0167] 뮤린 셉틱 모델에서 장내구균 특이 IgG1 인 비보 활성

[0168] 장내구균의 뮤린 셉틱 모델(Hufnagel et al. 2004 참조)을 혈류로부터 장내구균 임상 단리물 12030을 세척하는데 항-장내구균 인간 IgG의 활성을 정량화하는데 사용하였다. 정제된 IgG1 분자 CR5159, CR5187, CR6016, CR6043, CR6049, CR6071, CR6089, 및 CR6241는 장내구균에 대한 인 비트로 사멸 활성을 갖는다는 것을 증명하고, 장내구균에 대한 사멸활성을 갖지 않는 하나의 음성 대조 IgG1을 상기와 같이 제조하고 8 BALB/c 마우스의 군에, CR6016 및 CR6241이 7.5mg/kg의 투여량으로 주입된 것을 제외하고, 15 mg/kg의 투여량으로 i.p. 주입하였다(PBS 중 0.5-1ml). 이에 더하여, 마우스의 한 그룹에 PBS를 주입하였다. 24시간 후, 동물에 장내구균 균주 12030  $6 \times 10^8$  CFU를 i.v. 접종하였다. 마우스가 세균 공격을 받은지 4시간 후에, 동일한 투여량으로 CR5159, CR5187, CR6016, CR6043, CR6049, CR6071, CR6089, 및 CR6241을 두번째 i.p. 주입하였다. 전신 감염 3일 후, 동물을 안락사시키고 심장 천공으로 -0.5ml를 수집하였다. 혈액 샘플을 장내구균 선택적 아가 매질에 대해 정량적으로 배양하고; THB 1l 에 희석된 혈액 100 l 를 이중으로 플레이트에 전개시켰다. 밤샘 배양 후, 플레이트에서 CFU의 수를 읽고 10을 곱하여 혈액의 CFU/ml를 얻었다. 이 값은 희생시켰을 때 순환하는 세균의 양과 직접 관련된다.

[0169] 이 모델에서의 일차 종말점은 접종 3일 후 혈액 중의 장내구균의 CFU이다. 도 1에 나타난 바와 같이, PBS 또는 대조 IgG1을 받은 모든 동물은 3일 후 그들의 혈액에  $>10^2$  CFU/ml의 장내구균을 가졌고, 평균은  $\sim 10^3$  CFU/ml이었다. 반대로, 항-장내구균 항체를 받은 모든 군은 혈액에  $<10^2$  CFU/ml의 장내구균을 함유하였다. 이에 더하여,

하나의 경우, CR5187만 제외하고 모든 경우, 중간값은 대조군의 것보다 낮은 대수였다. 하나의 항체, CR6089은 평가에서 민감도 수준보다 낮은 중간값을 가졌고(10 CFU/ml) 8마리 동물 중 6마리의 혈액에서 세균이 검출되지 않았다. 낮은 투여량으로 사용된 CR6016 및 CR6241은 여전히 중간값이 10 CFU/ml에 근접하였고 이것은 그들이 높은 효능을 갖는다는 것을 나타낸다. 변동의 비-계수적 분석(Kruskal-Wallis)은 차이가 매우 중요하다는 것을 나타낸다( $p < 0.001$ ). 페어와이즈(Pairwise) 비교를 시험 IgG1과 음성 대조 IgG1 간에 대해 Bonferroni 보정된 Mann-Whitney 시험을 사용하여 수행하였다. 항체 CR5159, CR5187, CR6043, CR6049, CR6089, 및 CR6241은 모두 대조 항체와 비교하여 상당히 차이가 있었고( $p < 0.05$ ), 반면 항체 CR6043 및 CR6071의 중간값 차이는 대조 항체와 비교하여 중요하지 않았다.

[0170] 실시예 9

[0171] IgG1 경쟁 평가

[0172] 패널의 항체들이 동일한 표적에 결합하기 위해 경쟁하는가를 입증하기 위해, 경쟁 ELISA를 개발하였다. 장내구균 균주 12030을 혈액 아가 플레이트 상에 칠하고 37°C에서 밤새도록 배양하였다. 콜로니를 50 mM 탄산염 완충물(0.2 M Na<sub>2</sub>CO<sub>3</sub> 8부피, 0.2M NaHCO<sub>3</sub> 17부피 및 증류수 75부피) 5 ml를 사용하여 플레이트로부터 닦아내고, 3분 동안 4000 rpm에서 원심분리하였다. 얻은 펠렛을 탄산염 완충액 500 μl 중에 재현탁하고, 다시 원심분리하고 그리고 펠렛을 탄산염 완충액 500 μl 중에 재현탁하였다. 세균의 회석물 시리즈를 OD600를 측정하여 세포 밀도를 결정하였다.

[0173] 장내구균 균주를 밀도  $5 \times 10^9$  세포/ml로 회석하고 100 μl ( $5 \times 10^8$  cells)/웰을 밤새도록 4°C에서 Nunc-Immuno Maxisorp F96 플레이트 상에 코팅하였다. 배양 후, 웰을 PBS로 3회 세척하고 1시간동안 실온에서 PBS/웰에서 300 μl 2% (v/v) ELK로 차단하였다. 별개의 튜브에서, (상기 ELISA에 의해 결정된 바와 같이) 아포화상태로 회석된 (위와 같이 생산된) 각각의 scFv-파아지 맥시프레프(maxiprep) 25 μl를 25 μl 차단 완충액 (4% (v/v) ELK/PBS) 및 PBS에서 10 μg/ml로 회석된 50 μl IgG1 상등액과 혼합하였다. 혼합물을 얼음 위에서 20분 동안 배양하였다. 웰에서 차단 용액을 제거한 후, 혼합물 100 μl를 각각의 웰에 첨가하고 1시간 동안 실온에서 배양하였다. 그리고 나서, 웰을 PBS/0.01%(v/v) Tween으로 3회 그리고 PBS로 1회 세척하였다. 세척 후, 웰 당 항-M13 HRP (PBS에서 2% (v/v) ELK 중 1:5000) 100μg를 첨가하고 60분 동안 실온에서 배양하였다. 웰을 다시 세척하고 각 웰 당 OPD-용액을 100 μl 첨가하여 가시화하였다. 5~10분 후 각 웰에 1M H<sub>2</sub>SO<sub>4</sub> 50 μl를 첨가하여 반응을 멈추고 492nm에서 OD를 측정하였다. 항체의 전체 패널과 대조 IgG1 CR4374에 대해 실험을 2회 반복하였다. 결과는 항체가 다섯 그룹에 속함을 나타낸다. 그룹 A는 CR6089 및 CR6092으로 이루어지고; 그룹 B는 CR5157, CR5187, CR6043, CR6049, CR6388, CR6389, CR6396, CR6402, CR6409, CR6421, 및 CR6429로 이루어지고; 그리고 그룹 C는 CR5159, CR5166, CR6050, CR6077, CR6078, CR6086, 및 CR6191으로 이루어지고 나머지 항체 CR5140, CR5179, CR6016, CR6071, CR6079, CR6087, CR6195, CR6198, CR6241, CR6242, CR6246, CR6252, CR6415, 및 CR6432는 결합을 위해 어느 다른 항체와 경쟁하지 않았다.

[0174] 실시예 10

[0175] 흡소닌 탐식 사멸평가로 측정된 다양한 *E. faecalis*, *E. faecium* 및 *S. aureus* 균주에 대한 항-장내구균 IgG1의 인 비트로 흡소닌 탐식 활성

[0176] 항-장내구균 모노클로날 항체 패널의 사멸활성의 폭을 결정하기 위해, 상기된 바와 같이 제조된 IgG1의 정제된 배치를 상기 흡소닌 탐식 사멸활성에서의 사멸 활성에 대해 분석하였다. 이에 더하여 *E. faecalis* 균주, 타입 2; 두개의 다른 *E. faecium* 임상 단리물, 740220 및 838970; 및 *S. aureus* 임상 단리물 502을 시험하였다. 흡소닌 탐식 사멸 평가에서 비-경쟁적 결합 능력과 효능을 기준으로 34개의 원래의 패널로부터 18개의 항체를 선택하였다. 표 15에 나타난 바와 같이, 선택된 패널은 두 농도, 2.5 및 0.025 μg/ml에서, *E. faecium*에 대해 사멸 활성을 나타내었고, 비록 CR5140, CR6016 및 CR6078의 사멸 활성은 가장 높은 농도에서 균주 838970에 대하여 보다 20% 낮았다. 하나를 제외한 모든 항체는 *E. faecalis* 균주 타입 2에 대해 측정 가능한 활성을 가졌고, 반면 18개중 11개의 항체는 시험된 최고 농도에서 25% 보다 낮은 사멸활성을 가졌다. 놀랍기는, 패널의 모든 항체는 *S. aureus* 균주 502에 대해 사멸활성을 가졌고, 이것은 항체가 교차-반응 표적을 광범위하게 인식한다는 것을 나타낸다. 본 발명자들은 항체 중 어느 것이 *S. aureus*의 지질타이코산(LTA)에 결합하는지를 시험하였고, 이들 항체 중 그렇게 하는 것으로 보이는 것은 없었다. 항체들 중 3개(CR6252, CR6415 및 CR6421)를 또 다른 황색 포도상구균 균주(Newman)에 대해, 그리고 표피 포도상구균 균주(RP62A)에 대해 흡소닌 탐식 사멸 활성에 대해 시험하였고, 시험된 3개의 항체 모두는 이들 다양한 포도상 구균 종과 균주에 대해 사멸 활성을 나타내었다.

[0177] 표 1: 인간 램다 사슬 가변 영역 프라이머(센스)

프라이머 명칭	프라이머 뉴클레오티드 서열	SEQ ID NO
HuVL1A-Back	5'-CAGTCTGTGCTGACT CAGCCACC-3'	SEQ ID NO:130
HuVL1B-Back	5'-CAGTCTGTGYTGACG CAGCCGCC-3'	SEQ ID NO:131
HuVL1C-Back	5'-CAGTCTGTCGTGACG CAGCCGCC-3'	SEQ ID NO:132
HuVL2B-Back	5'-CAGTCTGCCCTGACT CAGCC-3'	SEQ ID NO:133
HuVL3A-Back	5'-TCCTATGWGCTGACT CAGCCACC-3'	SEQ ID NO:134
HuVL3B-Back	5'-TCTTCTGAGCTGACT CAGGACCC-3'	SEQ ID NO:135
HuVL4B-Back	5'-CAGCYTGTGCTGACT CAATC-3'	SEQ ID NO:136
HuVL5-Back	5'-CAGGCTGTGCTGACT CAGCCGTC-3'	SEQ ID NO:137
HuVL6-Back	5'-AATTTTATGCTGACT CAGCCCCA-3'	SEQ ID NO:138
HuVL7/8-Back	5'-CAGRCTGTGGTGACY CAGGAGCC-3'	SEQ ID NO:139
HuVL9-Back	5'-CWGCCTGTGCTGACT CAGCCMCC-3'	SEQ ID NO:140
HuVL10-Back	5'-CAGGCAGGGCTGACT CAG-3'	SEQ ID NO:141

[0178]

[0179] 표 2: 인간 카파 사슬 가변 영역 프라이머 (센스).

프라이머 명칭	프라이머 뉴클레오티드 서열	SEQ ID NO
HuVK1B-Back	5'- GACATCCAGWTGACCC AGTCTCC-3'	SEQ ID NO:142
HuVK2-Back	5'-GATGTTGTGATGACT CAGTCTCC-3'	SEQ ID NO:143
HuVK2B2	5'-GATATTGTGATGACC CAGACTCC-3'	SEQ ID NO:144
HuVK3B-Back	5'-GAAATTGTGWTGACR CAGTCTCC-3'	SEQ ID NO:145
HuVK5-Back	5'-GAAACGACACTCACG CAGTCTCC-3'	SEQ ID NO:146
HuVK6-Back	5'-GAAATTGTGCTGACTC AGTCTCC-3'	SEQ ID NO:147

[0180]

[0181] 표 3: SalI 제한 부위로 연장된 인간 카파 사슬 가변 영역 프라이머 (센스), NotI 제한 부위로 연장된 인간 카파 사슬 J-영역 프라이머 (안티-센스), SalI 제한 부위로 연장된 인간 램다 사슬 가변 영역 프라이머 (센스) 및 NotI 제한 부위로 연장된 인간 램다 사슬 J-영역 프라이머 (안티-센스).

프라이머 명칭	프라이머 뉴클레오티드 서열	SEQ ID NO
HuVK1B-Back-SAL	5'-TGAGCACACAGGTCG ACGGACATCCAGWTGACC CAGTCTCC-3'	SEQ ID NO:148
HuVK2-Back-SAL	5'-TGAGCACACAGGTCG ACGGATGTTGTGATGACT CAGTCTCC-3'	SEQ ID NO:149
HuVK2B2-SAL	5'-TGAGCACACAGGTCG ACGGATATTGTGATGACC CAGACTCC-3'	SEQ ID NO:150
HuVK3B-Back-SAL	5'-TGAGCACACAGGTCG	SEQ ID NO:151

[0182]

	ACGGAAATTGTGWTGACR CAGTCTCC-3'	
HuVK5-Back-SAL	5'-TGAGCACACAGGTCGACG GAAACGACACTCACGCAGTCT CC-3'	SEQ ID NO:152
HuVK6-Back-SAL	5'-TGAGCACACAGGTCG ACGGAAATTGTGCTGACT CAGTCTCC-3'	SEQ ID NO:153
HuJK1-FOR-NOT	5'-GAGTCATTCTCGACTTGC GGCCGCACGTTTGATTTCCAC CTTGGTCCC-3'	SEQ ID NO:154
HuJK2-FOR-NOT	5'-GAGTCATTCTCGACT TGCGGCCGCACGTTTGAT CTCCAGCTTGGTCCC-3'	SEQ ID NO:155
HuJK3-FOR-NOT	5'-GAGTCATTCTCGACTTGC GGCCGCACGTTTGATATCCAC TTTGGTCCC-3'	SEQ ID NO:156
HuJK4-FOR-NOT	5'-GAGTCATTCTCGACT TGCGGCCGCACGTTTGAT CTCCACCTTGGTCCC-3'	SEQ ID NO:157
HuJK5-FOR-NOT	5'-GAGTCATTCTCGACTTGC GGCCGCACGTTTAATCTCCAG TCGTGTCCC-3'	SEQ ID NO:158
HuVL1A-Back-SAL	5'-TGAGCACACAGGTCGACG CAGTCTGTGCTGACTCAGCCA CC-3'	SEQ ID NO:159
HuVL1B-Back-SAL	5'-TGAGCACACAGGTCGACG CAGTCTGTGYTGACGCAGCCG CC-3'	SEQ ID NO:160
HuVL1C-Back-SAL	5'-TGAGCACACAGGTCGACG CAGTCTGTGCTGACGCAGCCG	SEQ ID NO:161

[0183]

	CC-3'	
HuVL2B-Back-SAL	5'-TGAGCACACAGGTCGACG CAGTCTGCCCTGACTCAGCC- 3'	SEQ ID NO:162
HuVL3A-Back-SAL	5'-TGAGCACACAGGTCGACG TCCTATGWGCTGACTCAGCCA CC-3'	SEQ ID NO:163
HuVL3B-Back-SAL	5'-TGAGCACACAGGTCGACG TCTTCTGAGCTGACTCAGGAC CC-3'	SEQ ID NO:164
HuVL4B-Back-SAL	5'-TGAGCACACAGGTCGACG CAGCYTGTGCTGACTCAATC- 3'	SEQ ID NO:165
HuVL5-Back-SAL	5'-TGAGCACACAGGTCGACG CAGGCTGTGCTGACTCAGCCG TC-3'	SEQ ID NO:166
HuVL6-Back-SAL	5'-TGAGCACACAGGTCGACG AATTTTATGCTGACTCAGCCC CA-3'	SEQ ID NO:167
HuVL7/8-Back-SAL	5'-TGAGCACACAGGTCGACG CAGRCTGTGGTGACYCAGGAG CC-3'	SEQ ID NO:168
HuVL9-Back-SAL	5'-TGAGCACACAGGTCGACG CWGCCTGTGCTGACTCAGCCM CC-3'	SEQ ID NO:169
HuVL10-Back-SAL	5'-TGAGCACACAGGTCGACG CAGGCAGGGCTGACTCAG-3'	SEQ ID NO:170
HuJL1-FOR-NOT	5'-GAGTCATTCTCGACTTGC GGCCGCACCTAGGACGGTGAC CTTGGTCCC-3'	SEQ ID NO:171
HuJL2/3-FOR-NOT	5'-GAGTCATTCTCGACTTGC	SEQ ID NO:172

[0184]

	GGCCGCACCTAGGACGGTCAG CTTGGTCCC-3'	
HuJL7-FOR-NOT	5'-GAGTCATTCTCGACTTGC GGCCGCACCGAGGACGGTCAG CTGGGTGCC-3'	SEQ ID NO:173

[0185]



[0186] 표 4: 아가로스 겔 분석에 의해 측정된 농도를 기준으로, 최종 혼합물 중 다양한 경사슬 산물의 백분율

센스 프라이머	안티센스 프라이머	산물	백분율
HuVL1A-Back-SAL + HuVL1B-Back-SAL + HuVL1C-Back-SAL	HuJL1-FOR-NOT	L1J1	4.20%
	HuJL2/3-FOR-NOT	L1J2	8.40%
	HuJL7-FOR-NOT	L1J3	1.40%
HuVL2B-Back-SAL	HuJL1-FOR-NOT	L2J1	3.00%
	HuJL2/3-FOR-NOT	L2J2	6.00%
	HuJL7-FOR-NOT	L2J3	1.00%
HuVL3A-Back-SAL	HuJL1-FOR-NOT	L3J1	3.00%
	HuJL2/3-FOR-NOT	L3J2	6.00%
	HuJL7-FOR-NOT	L3J3	1.00%
HuVL3B-Back-SAL	HuJL1-FOR-NOT	L4J1	0.30%
	HuJL2/3-FOR-NOT	L4J2	0.60%
	HuJL7-FOR-NOT	L4J3	0.10%
HuVL4B-Back-SAL	HuJL1-FOR-NOT	L5J1	0.30%
	HuJL2/3-FOR-NOT	L5J2	0.60%
	HuJL7-FOR-NOT	L5J3	0.10%
HuVL5-Back-SAL	HuJL1-FOR-NOT	L6J1	0.30%
	HuJL2/3-FOR-NOT	L6J2	0.60%
	HuJL7-FOR-NOT	L6J3	0.10%
HuVL6-Back-SAL	HuJL1-FOR-NOT	L7J1	0.30%
	HuJL2/3-FOR-NOT	L7J2	0.60%

[0187]

	HuJL7-FOR-NOT	L7J3	0.10%
HuVL7/8-Back-SAL	HuJL1-FOR-NOT	L8J1	0.30%
	HuJL2/3-FOR-NOT	L8J2	0.60%
	HuJL7-FOR-NOT	L8J3	0.10%
HuVL9-Back-SAL + HuVL10-Back-SAL	HuJL1-FOR-NOT	L9J1	0.30%
	HuJL2/3-FOR-NOT	L9J2	0.60%
	HuJL7-FOR-NOT	L9J3	0.10%
HuVK1B-Back-SAL	HuJK1-FOR-NOT	K1J1	7.50%
	HuJK2-FOR-NOT	K1J2	7.50%
	HuJK3-FOR-NOT	K1J3	3.00%
	HuJK4-FOR-NOT	K1J4	7.50%
	HuJK5-FOR-NOT	K1J5	4.50%
HuVK2-Back-SAL	HuJK1-FOR-NOT	K2J1	1.00%
	HuJK2-FOR-NOT	K2J2	1.00%
	HuJK3-FOR-NOT	K2J3	0.40%
	HuJK4-FOR-NOT	K2J4	1.00%
	HuJK5-FOR-NOT	K2J5	0.60%
HuVK2B2-SAL	HuJK1-FOR-NOT	K3J1	0.25%
	HuJK2-FOR-NOT	K3J2	0.25%
	HuJK3-FOR-NOT	K3J3	0.10%
	HuJK4-FOR-NOT	K3J4	0.25%
	HuJK5-FOR-NOT	K3J5	0.15%
HuVK3B-Back-SAL	HuJK1-FOR-NOT	K4J1	4.75%
	HuJK2-FOR-NOT	K4J2	4.75%
	HuJK3-FOR-NOT	K4J3	1.90%
	HuJK4-FOR-NOT	K4J4	4.75%
	HuJK5-FOR-NOT	K4J5	2.85%
HuVK5-Back-SAL	HuJK1-FOR-NOT	K5J1	0.25%
	HuJK2-FOR-NOT	K5J2	0.25%
	HuJK3-FOR-NOT	K5J3	0.10%

[0188]

	HuJK4-FOR-NOT	K5J4	0.25%
	HuJK5-FOR-NOT	K5J5	0.15%
HuVK6-Back-SAL	HuJK1-FOR-NOT	K6J1	1.25%
	HuJK2-FOR-NOT	K6J2	1.25%
	HuJK3-FOR-NOT	K6J3	0.50%
	HuJK4-FOR-NOT	K6J4	1.25%
	HuJK5-FOR-NOT	K6J5	0.75%

[0189]

[0190] 표 5: 인간 IgG 중사슬 가변 영역 프라이머 (센스)

프라이머 명칭	프라이머 뉴클레오티드 서열	SEQ ID NO
HuVH1B/7A-Back	5'-CAGRTGCAGCTGGTG CARTCTGG-3'	SEQ ID NO:174
HuVH1C-Back	5'-SAGGTCCAGCTGGTR CAGTCTGG-3'	SEQ ID NO:175
HuVH2B-Back	5'-CAGRTCACCTTGAAG GAGTCTGG-3'	SEQ ID NO:176
HuVH3A-Back	5'-GAGGTGCAGCTGGTG GAG-3'	SEQ ID NO:177
HuVH3C-Back	5'-GAGGTGCAGCTGGTG GAGWCYGG-3'	SEQ ID NO:178
HuVH4B-Back	5'-CAGGTGCAGCTACAG CAGTGGGG-3'	SEQ ID NO:179
HuVH4C-Back	5'-CAGSTGCAGCTGCAG GAGTCSGG-3'	SEQ ID NO:180
HuVH6A-Back	5'-CAGGTACAGCTGCAG CAGTCAGG-3'	SEQ ID NO:181

[0191]

[0192] 표 6: SfiI/NcoI 제한 부위로 연장된 인간 IgG 중사슬 가변 영역 프라이머 (센스) 및 XhoI/BstEII 제한 부위로 연장된 인간 IgG 중사슬 J-영역 프라이머(안티-센스).

프라이머 명칭	프라이머 뉴클레오타이드 서열	SEQ ID NO
HuVH1B/7A-Back-Sfi	5'-GTCCTCGCAACTGCG GCCCAGCCGGCCATGGCC CAGRTGCAGCTGGTGCAR TCTGG-3'	SEQ ID NO:182
HuVH1C-Back-Sfi	5'-GTCCTCGCAACTGCG GCCCAGCCGGCCATGGCC SAGGTCCAGCTGGTRCAG TCTGG-3'	SEQ ID NO:183
HuVH2B-Back-Sfi	5'-GTCCTCGCAACTGCG GCCCAGCCGGCCATGGCC CAGRACCTTGAAGGAG TCTGG-3'	SEQ ID NO:184
HuVH3A-Back-Sfi	5'-GTCCTCGCAACTGCGGCC CAGCCGGCCATGGCCGAGGTG CAGCTGGTGGAG-3'	SEQ ID NO:185
HuVH3C-Back-Sfi	5'-GTCCTCGCAACTGCG GCCCAGCCGGCCATGGCC GAGGTGCAGCTGGTGGAG WCYGG-3'	SEQ ID NO:186
HuVH4B-Back-Sfi	5'-GTCCTCGCAACTGCG GCCCAGCCGGCCATGGCC CAGGTGCAGCTACAGCAG TGGGG-3'	SEQ ID NO:187
HuVH4C-Back-Sfi	5'-GTCCTCGCAACTGCGGCC CAGCCGGCCATGGCCAGSTG CAGCTGCAGGAGTCSGG-3'	SEQ ID NO:188
HuVH6A-Back-Sfi	5'-GTCCTCGCAACTGCG	SEQ ID NO:189

[0193]

	GCCCAGCCGGCCATGGCC CAGGTACAGCTGCAGCAG TCAGG-3'	
HuJH1/2-FOR-XhoIB	5'-GAGTCATTCTCGACTCGA GACRGTGACCAGGGTGCC-3'	SEQ ID NO:190
HuJH3-FOR-Xho	5'-GAGTCATTCTCGACT CGAGACGGTGACCATTGT CCC-3'	SEQ ID NO:191
HuJH4/5-FOR-Xho	5'-GAGTCATTCTCGACT CGAGACGGTGACCAGGGT TCC-3'	SEQ ID NO:192
HuJH6-FOR-Xho	5'-GAGTCATTCTCGACTCGA GACGGTGACCGTGGTCCC-3'	SEQ ID NO:193

[0194]

[0195] 표 7: 최종 혼합물에서 다양한 중사슬 산물의 백분율

센스 프라이머	안티센스 프라이머	산물	백분율
HuVH1B/7A-Back-Sfi + HuVH1C-Back-Sfi	HuJH1/2-FOR-XhoIB	H1J1	2.5%
	HuJH3-FOR-Xho	H1J2	2.5%
	HuJH4/5-FOR-Xho	H1J3	15.0%
	HuJH6-FOR-Xho	H1J4	5.0%
HuVH2B-Back-Sfi	HuJH1/2-FOR-XhoIB	H2J1	0.2%
	HuJH3-FOR-Xho	H2J2	0.2%
	HuJH4/5-FOR-Xho	H2J3	1.2%
	HuJH6-FOR-Xho	H2J4	0.4%
HuVH3A-Back-Sfi	HuJH1/2-FOR-XhoIB	H3J1	2.5%
	HuJH3-FOR-Xho	H3J2	2.5%
	HuJH4/5-FOR-Xho	H3J3	15.0%
	HuJH6-FOR-Xho	H3J4	5.0%
HuVH3C-Back-Sfi	HuJH1/2-FOR-XhoIB	H4J1	2.5%
	HuJH3-FOR-Xho	H4J2	2.5%
	HuJH4/5-FOR-Xho	H4J3	15.0%
	HuJH6-FOR-Xho	H4J4	5.0%
HuVH4B-Back-Sfi	HuJH1/2-FOR-XhoIB	H5J1	0.2%
	HuJH3-FOR-Xho	H5J2	0.2%
	HuJH4/5-FOR-Xho	H5J3	1.2%
	HuJH6-FOR-Xho	H5J4	0.4%
HuVH4C-Back-Sfi	HuJH1/2-FOR-XhoIB	H6J1	2.0%
	HuJH3-FOR-Xho	H6J2	2.0%
	HuJH4/5-FOR-Xho	H6J3	12.0%
	HuJH6-FOR-Xho	H6J4	4.0%
HuVH6A-Back-Sfi	HuJH1/2-FOR-XhoIB	H7J1	0.1%
	HuJH3-FOR-Xho	H7J2	0.1%
	HuJH4/5-FOR-Xho	H7J3	0.6%
	HuJH6-FOR-Xho	H7J4	0.2%

[0196]

[0197] 표 8: 항-장내구균 단일-사슬 (scFv) 파아지 항체의 선택과 스크리닝에 사용되는 장내구균 균주

균주	기원
<i>E. faecalis</i> 12030	오하이오 클리브랜드 베테랑스 어드미니스트레이션 호스피탈
<i>E. faecalis</i> T2	프로토타입 제페니스 균주
<i>E. faecalis</i> 6814	메사츄세츠, 보스톤 브리검 앤드 워민스 호스피탈
<i>E. faecalis</i> B8610A	메사츄세츠, 보스톤 브리검 앤드 워민스 호스피탈
<i>E. faecium</i> 740220	메사츄세츠, 보스톤 브리검 앤드 워민스 호스피탈
<i>E. faecium</i> B210860	메사츄세츠, 보스톤 브리검 앤드 워민스 호스피탈

[0198]

[0199] 표 9: FACS에 의해 측정된 단일-사슬 (scFv) 파아지 항체의 장내구균 특이 결합 활성

명칭 파아지 항체	Enterococcus 균주 (OD492nm)		대조항원 (OD492nm)	
	12030	T2	BSA	ELK
SC05-140	1.094	ND	0.226	0.152
SC05-157	0.787	ND	0.058	0.106
SC05-159	0.612	ND	0.060	0.089
SC05-166	0.954	ND	0.104	0.099
SC05-179	0.804	ND	0.045	0.047
SC05-187	0.835	1.043	0.055	0.055
SC06-016	0.842	ND	0.044	0.041
SC06-043	0.705	ND	0.045	0.042
SC06-049	0.241	ND	0.042	0.043
SC06-050	0.410	ND	0.043	0.043
SC06-071	0.703	0.746	0.043	0.042
SC06-077	0.577	1.005	0.044	0.060
SC06-078	0.596	1.040	0.073	0.044
SC06-079	0.663	0.953	0.048	0.041
SC06-086	0.587	ND	0.062	0.053
SC06-087	0.553	ND	0.044	0.060
SC06-089	0.613	ND	0.042	0.063
SC06-092	0.624	ND	0.047	0.050
SC06-191	0.456	0.498	0.044	0.039

[0200]

SC06-195	0.661	0.789	0.046	0.043
SC06-198	0.999	1.169	0.049	0.044
SC06-241	1.107	0.122	0.052	0.045
SC06-242	0.814	0.085	0.043	0.043
SC06-246	0.588	0.636	0.042	0.040
SC06-252	0.638	0.304	0.044	0.039
SC06-388	1.006	1.301	ND	0.040
SC06-389	1.337	1.743	ND	0.038
SC06-396	0.689	1.166	ND	0.067
SC06-402	1.538	1.905	ND	0.126
SC06-409	0.876	1.339	0.055	0.051
SC06-415	0.889	1.565	0.044	0.049
SC06-421	3.150	3.270	0.607	0.133
SC06-429	1.101	2.453	0.068	0.043
SC06-432	0.807	2.401	0.059	0.044
Average neg. ctrl	0.12	0.15	0.07	0.06

[0201]

[0202] ND : 측정되지 않음

[0203] 표 10: 장내구균 특이 단일-사슬 Fvs의 데이터

명 칭 scFv	뉴클레오타드 서열의 SEQ ID NO	아미노산서열의 SEQ ID NO	VH- 유전자 자리	VL- 유전자 자리
SC05-140	350	351 (Vh 1-121; Vl 138-243)	Vh3 (3-33)	VI 3 (3h - V2-14)
SC05-157	352	353 (Vh 1-121; Vl 138-247)	Vh5 (5-51)	VI 1 (1c - V1-16)
SC05-159	61	62 (Vh 1-123; Vl 140-249)	VH1 (1-f)	VI 1 (1c - V1-16)
SC05-166	63	64 (Vh 1-133; Vl 150-259)	VH1 (1-18)	VI 6 (6a - V1-22)
SC05-179	354	355 (Vh 1-117;	Vh3 (3-11)	VI 2 (2e - V1-03)

[0204]

		VI 134-244)		
SC05-187	65	66 (Vh 1-121; Vl 138-246)	VH5 (5-51)	VI 7 (7a - V3-02)
SC06-016	67	68 (Vh 1-118; Vl 135-241)	VH1 (1-18)	Vk I (L5 - DPK5)
SC06-043	69	70 (Vh 1-123; Vl 140-249)	VH5 (5-51)	VI 2 (2c - V1-02)
SC06-049	71	72 (Vh 1-120; Vl 137-246)	VH5 (5-51)	VI 2 (2a2 - V1-04)
SC06-050	356	357 (Vh 1-126; Vl 143-249)	Vh1 (1-18)	Vk I (L8 - DPK8)
SC06-071	73	74 (Vh 1-122; Vl 139-248)	VH3 (3-33)	VI 2 (2a2 - V1-04)
SC06-077	358	359 (Vh 1-119; Vl 136-248)	Vh1 (1-69)	Vk IV (B3 - DPK24)
SC06-078	75	76 (Vh 1-119; Vl 136-245)	VH1 (1-69)	VI 2 (2a2 - V1-04)
SC06-079	360	361 (Vh 1-116; Vl 133-242)	Vh3 (3-23)	VI 1 (1g - V1-17)
SC06-086	362	363 (Vh 1-120; Vl 137-243)	Vh1 (1-69)	Vk I (O12/O2 - DPK9)
SC06-087	206	207 (Vh 1-122; Vl 139-249)	Vh3 (3-21)	VI 2 (2a2 - V1-04)
SC06-089	208	209 (Vh 1-123; Vl 140-247)	Vh3 (3-48)	VI 3 (3h - V2-14)
SC06-092	364	365 (Vh 1-121; Vl 138-248)	Vh3 (3-49)	VI 2 (2a2 - V1-04)
SC06-191	366	367 (Vh 1-120; Vl 137-243)	Vh3 (3-33)	Vk I (L12)
SC06-195	368	369 (Vh 1-115; Vl 132-241)	Vh3 (3-33)	VI 1 (1g - V1-17)

[0205]

SC06-198	370	371 (Vh 1-116; VI 133-243)	Vh4 (4-b)	VI 1 (1e - VI-13)
SC06-241	77	78 (Vh 1-118; VI 135-241)	VH3 (3-30.3)	Vk I (L5 - DPK5)
SC06-242	372	373 (Vh 1-115; VI 132-237)	Vh4 (4-59)	VI 3 (3h - V2-14)
SC06-246	374	375 (Vh 1-121; VI 138-245)	Vh3 (3-53)	VI 3 (3h - V2-14)
SC06-252	79	80 (Vh 1-115; VI 132-241)	VH3 (3-23)	VI 1 (1c - VI-16)
SC06-388	376	377 (Vh 1-119; VI 136-245)	Vh5 (5-51)	VI 2 (2c - VI-02)
SC06-389	378	379 (Vh 1-121; VI 138-245)	Vh5 (5-51)	VI 3 (3I - V2-13)
SC06-396	380	381 (Vh 1-121; VI 138-245)	Vh5 (5-51)	Vk III (A27 - DPK22)
SC06-402	382	383 (Vh 1-127; VI 144-255)	Vh5 (5-51)	VI 2 (2e - VI-03)
SC06-409	384	385 (Vh 1-122; VI 139-249)	Vh5 (5-51)	VI 2 (2a2 - VI-04)
SC06-415	386	387 (Vh 1-116; VI 133-242)	Vh3 (3-09)	VI 2 (2c - VI-02)
SC06-421	388	389 (Vh 1-120; VI 137-246)	Vh5 (5-51)	VI 2 (2c - VI-02)
SC06-429	390	391 (Vh 1-121; VI 138-249)	Vh5 (5-51)	Vk II (A19/A03- DPK15)
SC06-432	392	393 (Vh 1-120; VI 137-246)	Vh4 (4-31)	VI 1 (1e - VI-13)

[0206]



[0207] 표 11: 장내구균 특이 단일 사슬 Fvs의 CDR 영역의 자료

명칭 scFv	HCDR1 (SEQ ID NO:)	HCDR2 (SEQ ID NO:)	HCDR3 (SEQ ID NO:)	LCDR1 (SEQ ID NO:)	LCDR2 (SEQ ID NO:)	LCDR3 (SEQ ID NO:)
SC05-140	218	219	220	221	222	223
SC05-157	224	225	226	227	228	229
SC05-159	1	2	3	4	5	6
SC05-166	7	8	9	10	11	12
SC05-179	230	231	232	233	234	235
SC05-187	13	14	15	16	17	18
SC06-016	19	20	21	22	23	24
SC06-043	25	26	27	28	29	30
SC06-049	31	32	33	34	35	36
SC06-050	236	237	238	239	240	241
SC06-071	37	38	39	40	41	42
SC06-077	242	243	244	245	246	247
SC06-078	43	44	45	46	47	48
SC06-079	248	249	250	251	252	253
SC06-086	254	255	256	257	258	259
SC06-087	194	195	196	197	198	199
SC06-089	200	201	202	203	204	205
SC06-092	260	261	262	263	264	265
SC06-191	266	267	268	269	270	271
SC06-195	272	273	274	275	276	277
SC06-198	278	279	280	281	282	283
SC06-241	49	50	51	52	53	54
SC06-242	284	285	286	287	288	289
SC06-246	290	291	292	293	294	295
SC06-252	55	56	57	58	59	60
SC06-388	296	297	298	299	300	301

[0208]

SC06-389	302	303	304	305	306	307
SC06-396	308	309	310	311	312	313
SC06-402	314	315	316	317	318	319
SC06-409	320	321	322	323	324	325
SC06-415	326	327	328	329	330	331
SC06-421	332	333	334	335	336	337
SC06-429	338	339	340	341	342	343
SC06-432	344	345	346	347	348	349

[0209]

[0210] 표 12: 장내구균 특이 IgGs의 데이터

명칭 IgG	뉴클레오티드 서열 중사슬의 SEQ ID NO	아미노산 서열 중사슬의 SEQ ID NO	뉴클레오티드 서열 경사슬의 SEQ ID NO	아미노산 서열 경사슬의 SEQ ID NO
CR5140	394	395 (Vh 1-121)	438	439 (Vl 1-106)
CR5157	396	397 (Vh 1-121)	440	441 (Vl 1-110)
CR5159	81	82 (Vh 1-123)	101	102 (Vl 1-110)
CR5166	83	84 (Vh 1-133)	103	104 (Vl 1-110)
CR5179	398	399 (Vh 1-117)	442	443 (Vl 1-111)
CR5187	85	86 (Vh 1-121)	105	106 (Vl 1-109)
CR6016	87	88 (Vh 1-118)	107	108 (Vl 1-107)
CR6043	89	90 (Vh 1-123)	109	110 (Vl 1-110)
CR6049	91	92 (Vh 1-120)	111	112 (Vl 1-110)
CR6050	400	401 (Vh 1-126)	444	445 (Vl 1-107)
CR6071	93	94 (Vh 1-122)	113	114 (Vl 1-110)
CR6077	402	403 (Vh 1-119)	446	447 (Vl 1-133)
CR6078	95	96	115	116

[0211]

		(Vh 1-119)		(Vl 1-110)
CR6079	404	405 (Vh 1-116)	448	449 (Vl 1-110)
CR6086	406	407 (Vh 1-120)	450	451 (Vl 1-107)
CR6087	210	211 (Vh 1-122)	214	215 (Vl 1-111)
CR6089	212	213 (Vh 1-123)	216	217 (Vl 1-108)
CR6092	408	409 (Vh 1-121)	452	453 (Vl 1-111)
CR6191	410	411 (Vh 1-120)	454	455 (Vl 1-107)
CR6195	412	413 (Vh 1-115)	456	457 (Vl 1-110)
CR6198	414	415 (Vh 1-116)	458	459 (Vl 1-111)
CR6241	97	98 (Vh 1-118)	117	118 (Vl 1-107)
CR6242	416	417 (Vh 1-115)	460	461 (Vl 1-106)
CR6246	418	419 (Vh 1-121)	462	463 (Vl 1-108)
CR6252	99	100 (Vh 1-115)	119	120 (Vl 1-110)
CR6388	420	421 (Vh 1-119)	464	465 (Vl 1-110)
CR6389	422	423 (Vh 1-121)	466	467 (Vl 1-108)
CR6396	424	425 (Vh 1-121)	468	469 (Vl 1-108)
CR6402	426	427 (Vh 1-127)	470	471 (Vl 1-112)
CR6409	428	429 (Vh 1-122)	472	473 (Vl 1-111)
CR6415	430	431 (Vh 1-116)	474	475 (Vl 1-110)
CR6421	432	433 (Vh 1-120)	476	477 (Vl 1-110)
CR6429	434	435 (Vh 1-121)	478	479 (Vl 1-112)
CR6432	436	437 (Vh 1-120)	480	481 (Vl 1-110)

[0212]

[0213] 표 13: ELISA에 의해 측정된 인간 IgG 항체에 의한 *Enterococcus faecalis* 및 *Enterococcus faecium* 의 다양한 균주에 대한 특이 결합 활성

항 체 명 칭	Enterococcal 균주 (OD492nm)					
	12030	T2	6814	B8610A	740220*	B210860*
CR5140	3.084	0.185	0.121	1.769	0.185	0.123
CR5157	0.225	0.358	0.215	0.282	0.199	0.086
CR5159	0.383	0.441	0.265	0.134	0.114	0.077
CR5166	0.533	1.387	0.444	0.140	0.170	0.101
CR5179	0.250	1.206	0.285	1.546	0.131	0.091
CR5187	0.869	1.267	0.939	1.269	0.725	0.296
CR6016	0.281	0.622	0.243	0.134	0.126	0.084
CR6043	0.232	0.326	0.203	0.274	0.196	0.101
CR6049	0.779	1.258	1.123	0.992	0.509	0.251
CR6050	0.291	0.739	0.218	0.117	0.138	0.092
CR6071	1.452	0.391	0.699	0.629	0.109	0.081
CR6077	0.739	1.774	0.436	0.137	0.137	0.086
CR6078	0.482	1.457	0.336	0.143	0.114	0.082
CR6079	0.751	0.597	0.293	1.160	0.186	0.114
CR6086	0.583	1.554	0.335	0.118	0.116	0.080
CR6087	1.085	1.414	0.098	0.135	0.182	0.091
CR6089	2.164	0.309	1.127	0.822	0.118	0.085
CR6092	2.779	1.204	1.989	1.599	0.113	0.088
CR6191	0.868	1.639	0.475	0.100	0.063	0.043
CR6195	0.304	1.652	0.084	2.219	0.051	0.042
CR6198	1.151	2.854	0.532	2.849	0.071	0.039
CR6241	0.814	0.091	0.043	0.072	0.060	0.037
CR6242	0.356	0.102	0.047	0.075	0.079	0.038
CR6246	0.207	0.290	0.047	0.083	0.131	0.049
CR6252	0.583	0.370	0.045	0.076	0.690	0.052
CR6388	0.165	0.180	0.139	0.157	0.207	0.116
CR6389	0.562	0.197	0.122	0.182	0.168	0.320
CR6396	0.427	0.640	0.342	0.500	0.456	0.312
CR6402	0.428	0.391	0.236	0.447	0.292	0.270
CR6409	0.120	0.155	0.113	0.145	0.169	0.124

[0214]

CR6415	2.284	1.910	0.122	0.108	1.119	0.195
CR6421	0.693	0.803	0.511	0.822	0.438	0.368
CR6429	0.302	0.437	0.190	0.403	0.347	0.185
CR6432	0.358	0.364	0.322	0.500	0.216	0.406
평균 음성대조	0.11	0.13	0.09	0.13	0.12	0.07

[0215]

[0216] 표 14: 인간 IgG1 항체에 의한 *Enterococcus faecalis* 균주에 대한 인 비즈로 옴소닌탐식 사멸활성

항 체 명 칭	50% 세균 사멸을 제공하는 항체 농도 (ng/ml)
CR5140	ND
CR5157	20.7
CR5159	130
CR5166	27.8
CR5179	312
CR5187	295
CR6016	2.20
CR6043	8.94
CR6049	3794
CR6050	5.82
CR6071	12.4
CR6077	54.7
CR6078	10.5
CR6079	>10000
CR6086	10.8
CR6087	21.2
CR6089	3.67
CR6092	>10000
CR6191	178
CR6195	>10000
CR6198	4787
CR6241	0.613
CR6242	ND

[0217]

CR6246	>10000
CR6252	29.2
CR6388	0.64
CR6389	0.33
CR6396	4.71
CR6402	1.00
CR6409	36.6
CR6415	ND
CR6421	21.6
CR6429	1.2
CR6432	>10000

[0218]

[0219] 표 15: 흡소닌 탐식 사멸 평가에 의해 측정된 IgG1 항체의 사멸 활성

균 주	Mean enterococcal 및 staphylococcal 사멸활성 (%)							
	Type 2		740220		838970		502	
[ng/ml]	2500	25	2500	25	2500	25	2500	25
IgG1 항 체								
CR5140	14.9	7.7	72.2	44.1	11.9	2.3	66.4	44.9
CR5157	2.3	4.0	64.8	14.5	27.7	9.7	48.7	27.0
CR6016	15.7	4.6	66.9	17.9	3.2	1.7	59.0	32.3
CR6043	30.0	16.1	63.6	15.7	21.1	2.8	50.5	21.3
CR6050	7.5	5.8	49.4	18.8	33.1	8.1	59.0	28.2
CR6078	43.2	24.9	60.4	25.6	4.6	1.5	39.2	12.8
CR6087	54.4	41.1	58.8	30.3	34.7	16.0	26.5	12.3
CR6089	7.3	6.3	60.4	19.4	32.2	7.4	32.8	8.2
CR6241	6.5	4.3	73.5	44.8	48.5	18.3	38.2	9.6
CR6252	9.8	6.9	74.6	43.6	43.1	25.5	46.5	19.7
CR6388	50.8	22.6	54.8	18.0	47.2	7.3	51.8	34.1
CR6389	10.5	7.7	56.8	30.8	37.7	19.3	35.4	16.7
CR6396	6.8	2.9	36.6	9.4	30.9	5.2	37.6	13.1
CR6402	39.0	24.9	57.9	21.0	36.4	12.9	20.8	6.0
CR6409	46.0	27.6	64.5	36.9	25.0	3.7	46.9	18.4
CR6415	16.9	12.2	56.6	24.2	35.3	19.6	42.4	20.4
CR6421	5.3	2.9	64.3	14.0	35.7	21.0	44.9	21.5
CR6429	-0.1	-1.2	58.7	5.7	43.5	12.3	36.5	12.6

[0220]

[0221] 참조 문헌

Boel E, Verlaan S, Poppelier MJ, Westerdal NA, Van Strijp JA and Logtenberg T (2000), Functional human monoclonal antibodies of all isotypes constructed from phage display library-derived single-chain Fv antibody fragments. *J. Immunol. Methods* 239:153-166.

Burton DR and Barbas CF (1994), Human antibodies from combinatorial libraries. *Adv. Immunol.* 57:191-280.

Chou, TC and P Talalay (1984), Quantitative analysis of dose-effect relationships: the combined effects of multiple drugs or enzyme inhibitors. *Adv. Enzyme Regul.* 22:27-55.

De Kruif J, Terstappen L, Boel E and Logtenberg T (1995a), Rapid selection of cell subpopulation-specific human monoclonal antibodies from a synthetic phage antibody library. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 92:3938.

De Kruif J, Boel E and Logtenberg T (1995b), Selection and application of human single-chain Fv antibody fragments from a semi-synthetic phage antibody display library with designed CDR3 regions. *J. Mol. Biol.* 248:97-105.

Huebner J, Wang Y, Krueger WA, Madoff LC, Martirosian G, Boisot S, Goldmann DA, Kasper DL, Tzianabos AO and Pier GB (1999), Isolation and chemical characterization of a capsular polysaccharide antigen shared by clinical isolates of *Enterococcus faecalis* and vancomycin-resistant *Enterococcus faecium*. *Infect. Immun.* 67:1213-1219.

Hufnagel M, Koch S, Creti R, Baldassarri L, and Huebner J (2004), A putative sugar-binding transcriptional regulator in a novel gene locus in *Enterococcus faecalis* contributes to production of biofilm and prolonged bacteremia in mice. *J. Infect. Dis.* 189:420-430.

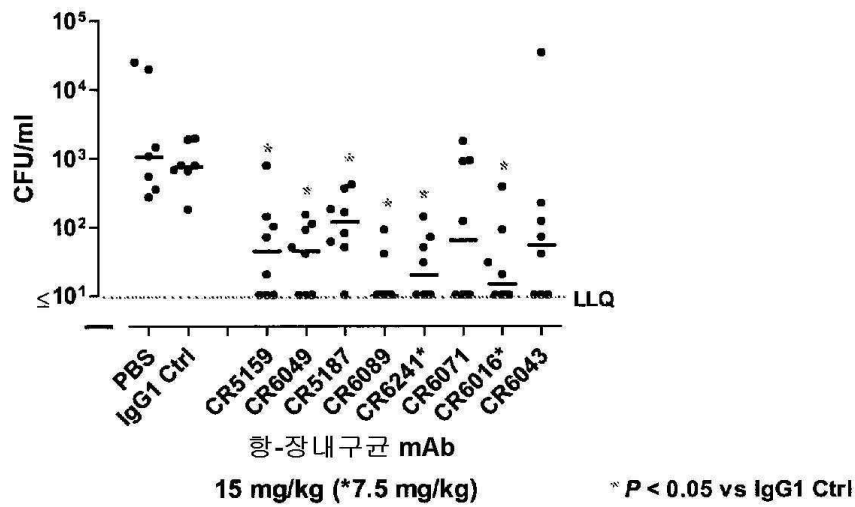
Huls G, Heijnen IJ, Cuomo E, van der Linden J, Boel E, van de Winkel J and Logtenberg T (1999), Antitumor immune effector mechanisms recruited by phage display-derived fully human IgG1 and IgA1 monoclonal antibodies. *Cancer Res.* 59:5778-5784.

Slotstra JW, Puijk WC, Ligtvoet GJ, Langeveld JP, Meloen RH (1996), Structural aspects of antibody-antigen interaction revealed through small random peptide libraries. *Mol. Divers.* 1:87-96.

[0222]

도면

도면1



서열 목록

SEQUENCE LISTING

<110> Crucell Holland B.V.

Throsby, Mark

Kramer, Robert Arjen

De Kruif, Cornelis Adriaan

<120> Human binding molecules having killing activity against enterococci and uses thereof

<130> 0144 WO 00 ORD

<160> 481

<170> PatentIn version 3.1

<210> 1

<211> 5

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1

Asp Tyr Tyr Met His

1 5

<210> 2

<211> 17



<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2

Leu Val Asp Pro Glu Asp Gly Glu Thr Ile Tyr Ala Glu Lys Phe Gln

1                    5                    10                    15  
Gly

<210> 3

<211> 14

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 3

Ala Glu Val Met Thr Thr Ile Asn Asn Trp Tyr Phe Asp Leu

1                    5                    10

<210> 4

<211> 13

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 4

Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Ser Asn Asn Val Ser

1                    5                    10

<210> 5

<211> 7

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 5

Ser Asn Asn Gln Arg Pro Ser

1                    5

<210> 6

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 6

Ala Ala Trp Asp Asp Ser Leu Asn Gly Trp Val

1                    5                    10

<210> 7

<211> 5

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 7

Ser Tyr Ala Ile Ser

1                    5

<210> 8

<211> 17

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 8

Trp Ile Ser Ala Tyr Asn Gly Asn Thr Asn Tyr Ala Arg Lys Leu Gln

1                    5                    10                    15

Gly

<210> 9

<211> 24

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 9

Ala Gly Leu Met Phe Thr Ala Trp Phe Gly Glu Leu Trp Asp His Gly

1                    5                    10                    15

Thr Lys Asp Asn Trp Phe Asp Pro

20

<210> 10

<211> 13

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 10

Thr Arg Ser Ser Gly Ser Ile Ala Ser Tyr Tyr Val Gln

1                    5                    10

<210> 11

<211> 7

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 11

Glu Asp Asn Gln Arg Pro Ser

1                    5

<210> 12

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 12

Gln Ser Tyr Asp Ser Ser Asn Gln Val

1                    5

<210> 13

<211> 5

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 13

Lys Tyr Trp Ile Gly

1                    5

<210> 14

<211> 17

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 14

Ile Ile Tyr Pro Gly Asp Ser Asp Thr Arg Tyr Ser Pro Ser Phe Gln

1                    5                    10                    15

Gly

<210> 15

<211> 12

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 15

Gly Ser Gly Ile Ala Thr Gly Asn Ser Phe Asp Ser

1                    5                    10

<210> 16

<211> 14

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 16

Ala Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Tyr Tyr Pro Asn

1                    5                    10

<210> 17

<211> 7

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 17

Ser Thr Ser Lys Lys His Ser

1                    5

<210> 18

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 18

Leu Leu Ser Tyr Gly Gly Ala Arg Val

1                    5

<210> 19

<211> 5

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 19

Ser Tyr Gly Ile Ser

1                    5

<210> 20

<211> 17

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 20

Arg Ile Ile Pro Val Gly Gly Asn Thr Leu Tyr Ser Gln Met Phe Gln

1                    5                    10                    15

Gly

<210> 21

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 21

Asp Gly Gly Arg Trp Gln Phe Asp Tyr

1                    5

<210> 22

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 22

Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Trp Leu Ala

1                    5                    10

<210> 23

<211> 7

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 23

Ala Ala Ser Ser Leu Gln Ser

1                    5

<210> 24

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 24

Gln Gln Ser Lys Asn Phe Pro Tyr Thr

1 5

<210> 25

<211> 5

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 25

Ser Tyr Trp Ile Gly

1 5

<210> 26

<211> 17

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 26

Ile Ile Tyr Pro Gly Asp Ser Asp Thr Arg Tyr Ser Pro Ser Phe Gln

1 5 10 15

Gly

<210> 27

<211> 14

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 27

Arg Tyr Cys Ser Gly Gly Thr Cys Ser Asp Gly Phe Asp Ile

1 5 10

<210> 28

<211> 14

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 28

Thr Gly Thr Ser Ser Asp Val Gly Gly Tyr Asn Tyr Val Ser

1 5 10

<210> 29

<211> 7

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 29

Glu Val Ser Lys Arg Pro Ser

1                    5

<210> 30

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 30

Ser Ser Tyr Ala Gly Ser Asn Asn Leu Val

1                    5                    10

<210> 31

<211> 5

<212> PRT

<213>

> Homo sapiens

<400> 31

Ser Tyr Trp Ile Gly

1                    5

<210> 32

<211> 17

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 32

Ile Ile Tyr Pro Gly Asp Ser Asp Thr Arg Tyr Ser Pro Ser Phe Gln

1                    5                    10                    15

Gly

<210> 33

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 33

Leu Phe Arg Val Arg Gly Gly His Phe Asp Ser

1                    5                    10

<210> 34

<211> 14

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 34

Thr Gly Thr Asn Ser Asp Val Gly Gly Tyr Asn Tyr Val Ser

1                    5                    10

<210> 35

<211> 7

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 35

Asp Val Thr Asn Arg Pro Ser

1                    5

<210> 36

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 36

Ser Ser Phe Thr Ser Ser Ser Thr Arg Val

1                    5                    10

<210> 37

<211> 5

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 37

Ser Tyr Gly Met His

1                    5

<210> 38

<211> 17

<212> PRT

<213> Homo sapiens



<400> 38

Met Ile Trp Ser Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys

1                    5                    10                    15

Gly

<210> 39

<211> 13

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 39

Asn Tyr Gly Ser Gly Ser Tyr Trp Gly Gly Phe Asp Tyr

1                    5                    10

<210> 40

<211> 14

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 40

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

1                    5                    10

<210> 41

<211> 7

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 41

Glu Gly Ser Lys Arg Pro Ser

1                    5

<210> 42

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 42

Ser Ser Tyr Thr Thr Ser Ser Thr His Val

1                    5                    10

<210> 43

<211> 5

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 43

Ser Tyr Ala Ile Ser

1                    5

<210> 44

<211> 17

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 44

Gly Ile Ile Pro Ile Phe Gly Thr Ala Asn Tyr Ala Gln Lys Phe Gln

1                    5                    10                    15

Gly

<210> 45

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 45

Leu Ser Pro Arg Tyr Tyr Gly Met Asp Val

1                    5                    10

<210> 46

<211> 14

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 46

Thr Gly Thr Ser Ser Asp Val Gly Gly Tyr Asn Tyr Val Ser

1                    5                    10

<210> 47

<211> 7

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 47

Gly Gly Ser Glu Arg Pro Ser

1 5

<210> 48

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 48

Ser Ser Tyr Thr Ser Ser Gly Thr Leu Leu

1 5 10

<210> 49

<211> 5

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 49

Ser Tyr Ala Met Tyr

1 5

<210> 50

<211> 17

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 50

Leu Ile Ser His Asp Ala Ser Lys Met Phe Tyr Ala Asp Ser Val Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 51

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 51

Glu Arg Thr Gly Tyr Tyr Gly Ala Tyr

1 5

<210> 52

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 52

Arg Ala Ser Gln Gly Ile Gly Thr Trp Leu Ala

1                    5                    10

<210> 53

<211> 7

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 53

Ser Ala Ser Ser Leu Gln Ser

1                    5

<210> 54

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 54

Gln Gln Ala Asn Ser Phe Pro Ile Thr

1                    5

<210> 55

<211> 5

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 55

Ser Tyr Ala Met Ser

1                    5

<210> 56

<211> 14

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 56

Ala Leu Ser Gly Ser Thr Thr Phe Tyr Ala Asp Ser Val Lys

1                    5                    10

<210> 57

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400>

57

Gly Asn Tyr Tyr Gly Met Asp Val

1                    5

<210> 58

<211> 13

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 58

Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Lys Phe Tyr Val Tyr

1                    5                    10

<210> 59

<211> 7

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 59

Ser Asn Asn Gln Arg Pro Ser

1                    5

<210> 60

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 60

Ala Ala Trp Asp Gly Ser Leu Asn Gly Tyr Val

1                    5                    10

<210> 61

<211> 747

<212> DNA

<213> Artificial sequence

<220><223> SC05-159

<220><221> CDS

<222> (1)..(747)

<223>

<400> 61

cag gtc cag ctg gta cag tct ggg gct gag gtg aag aag ccc ggg gct 48

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

aca gtg aaa atc tcc tgc aag gtt tct gga tac acc ttc acc gac tac 96

Thr Val Lys Ile Ser Cys Lys Val Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asp Tyr

20 25 30

tac atg cac tgg gtg caa cag gcc cct gga aaa ggg ctt gag tgg atg 144

Tyr Met His Trp Val Gln Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

gga ctt gtt gat cct gaa gat ggt gaa aca ata tac gca gag aag ttc 192

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

50 55 60

cag ggc aga gtc acc ata acc gcg gac acg tct aca gac aca gcc tac 240

Gln Gly Arg Val Thr Ile Thr Ala Asp Thr Ser Thr Asp Thr Ala Tyr

65 70 75 80

atg gag ctg agc agc ctg aga tct gac gac acg gcc gtg tat tac tgc 288

Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

gcg aga gct gag gtg atg act aca att aac aac tgg tac ttc gac ctc 336

Ala Arg Ala Glu Val Met Thr Thr Ile Asn Asn Trp Tyr Phe Asp Leu

100 105 110

tgg ggc cgt ggc acc ctg gtc acc gtc tcg agc ggt acg ggc ggt tca 384

Trp Gly Arg Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Thr Gly Gly Ser

115 120 125

ggc gga acc ggc agc ggc act ggc ggg tcg acg tcc tat gtg ctg act 432

Gly Gly Thr Gly Ser Gly Thr Gly Gly Ser Thr Ser Tyr Val Leu Thr

130 135 140

cag cca ccc tca gcg tct ggg acc ccc ggg cag agg gtc acc atc tct 480  
 Gln Pro Pro Ser Ala Ser Gly Thr Pro Gly Gln Arg Val Thr Ile Ser  
 145 150 155 160  
 tgt tct gga agc agc tcc aac atc gga agt aat aat gta agc tgg tac 528  
 Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Ser Asn Asn Val Ser Trp Tyr  
 165 170 175  
  
 cag cag ctc cca gga acg gcc ccc aaa ctc ctc atc tat agt aat aat 576  
 Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Ser Asn Asn  
 180 185 190  
 cag cgg ccc tca ggg gtc cct gac cga ttc tct ggc tcc aag tct ggc 624  
 Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Lys Ser Gly  
 195 200 205  
 acc tca gcc tcc ctg gcc atc agt ggg ctc cag tct gag gat gag gct 672  
  
 Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln Ser Glu Asp Glu Ala  
 210 215 220  
 gat tat tac tgt gca gca tgg gat gac agc ctg aat ggt tgg gtg ttc 720  
 Asp Tyr Tyr Cys Ala Ala Trp Asp Asp Ser Leu Asn Gly Trp Val Phe  
 225 230 235 240  
 ggc gga ggg acc aag ctg acc gtc cta 747  
 Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

245

<210> 62

<211> 249

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220><223> SC05-159

<400> 62

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

35 40 45

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

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Ile Thr Ala Asp Thr Ser Thr Asp Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Ala Glu Val Met Thr Thr Ile Asn Asn Trp Tyr Phe Asp Leu

100 105 110

Trp Gly Arg Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Thr Gly Gly Ser

115 120 125

Gly Gly Thr Gly Ser Gly Thr Gly Gly Ser Thr Ser Tyr Val Leu Thr

130 135 140

Gln Pro Pro Ser Ala Ser Gly Thr Pro Gly Gln Arg Val Thr Ile Ser

145 150 155 160

Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Ser Asn Asn Val Ser Trp Tyr

165 170 175

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

180 185 190

Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Lys Ser Gly

195 200 205

Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln Ser Glu Asp Glu Ala

210 215 220

Asp Tyr Tyr Cys Ala Ala Trp Asp Asp Ser Leu Asn Gly Trp Val Phe

225 230 235 240

Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

245

<210> 63

<211> 777

<212> DNA

<213> Artificial sequence



<220><223> SC05-166

<220><221> CDS

<222> (1)..(777)

<223>

<400> 63

cag gtc cag ctg gta cag tct gga gct gag gtg aag aag cct ggg gcc 48

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

tca gtg aag gtc tcc tgc aag gct tct ggt tac acc ttt acc agc tat 96

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr

20 25 30

gct atc agc tgg gtg cga cag gcc cct gga caa ggg ctt gag tgg atg 144

Ala Ile Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

gga tgg atc agc gct tac aat ggt aac aca aac tat gca cgg aag ctc 192

Gly Trp Ile Ser Ala Tyr Asn Gly Asn Thr Asn Tyr Ala Arg Lys Leu

50 55 60

cag ggc aga gtc acc atg acc aca gac aca tcc acg agc aca gcc tac 240

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

65 70 75 80

atg gag ctg agg agc ctg aga tct gac gac acg gcc gtg tat tac tgt 288

Met Glu Leu Arg Ser Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

gcg aga gcg ggg cta atg ttt acg gca tgg ttc ggg gag tta tgg gac 336

Ala Arg Ala Gly Leu Met Phe Thr Ala Trp Phe Gly Glu Leu Trp Asp

100 105 110

cac ggg acg aag gac aac tgg ttc gac ccc tgg ggc cag gga acc ctg 384

His Gly Thr Lys Asp Asn Trp Phe Asp Pro Trp Gly Gln Gly Thr Leu

115 120 125

gtc acc gtc tcg agc ggt acg ggc ggt tca ggc gga acc ggc agc ggc 432

Val Thr Val Ser Ser Gly Thr Gly Gly Ser Gly Gly Thr Gly Ser Gly



Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala

1                    5                    10                    15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr

                  20                    25                    30

Ala Ile Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

                  35                    40                    45

Gly Trp Ile Ser Ala Tyr Asn Gly Asn Thr Asn Tyr Ala Arg Lys Leu

                  50                    55                    60

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

65                    70                    75                    80

Met Glu Leu Arg Ser Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

                  85                    90                    95

Ala Arg Ala Gly Leu Met Phe Thr Ala Trp Phe Gly Glu Leu Trp Asp

                  100                    105                    110

His Gly Thr Lys Asp Asn Trp Phe Asp Pro Trp Gly Gln Gly Thr Leu

                  115                    120                    125

Val Thr Val Ser Ser Gly Thr Gly Gly Ser Gly Gly Thr Gly Ser Gly

130                    135                    140

Thr Gly Gly Ser Thr Asn Phe Met Leu Thr Gln Pro His Ser Val Ser

145                    150                    155                    160

Glu Ser Pro Gly Lys Thr Val Thr Ile Ser Cys Thr Arg Ser Ser Gly

                  165                    170                    175

Ser Ile Ala Ser Tyr Tyr Val Gln Trp Tyr Gln Gln Arg Pro Gly Ser

                  180                    185                    190

Ser Pro Thr Thr Val Ile Tyr Glu Asp Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val

195                    200                    205

Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Ile Asp Ser Ser Ser Asn Ser Ala Ser

210                    215                    220

Leu Thr Ile Ser Gly Leu Lys Thr Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys

225                    230                    235                    240

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

245	250	255	
Thr Val Leu			
<210> 65			
<211> 738			
<212> DNA			
<213> Artificial sequence			
<220><223> SC05-187			
<220><221> CDS			
<222> (1)..(738)			
<223>			
<400> 65			
gag gtc cag ctg gtg cag tct gga gca gag gtg aaa aag ccg ggg gag			48
Glu Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Glu			
1	5	10	15
tct ctg aag atc tcc tgt aag ggt tct gga tac agc ttt acc aag tac			96
Ser Leu Lys Ile Ser Cys Lys Gly Ser Gly Tyr Ser Phe Thr Lys Tyr			
20	25	30	
tgg atc ggc tgg gtg cgc cag atg ccc ggg aaa ggc ctg gag tgg atg			144
Trp Ile Gly Trp Val Arg Gln Met Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Met			
35	40	45	
ggg atc atc tat cct ggt gac tct gac acc aga tac agc ccg tcc ttc			192
Gly Ile Ile Tyr Pro Gly Asp Ser Asp Thr Arg Tyr Ser Pro Ser Phe			
50	55	60	
caa ggc cag gtc acc atc tea gcc gac aag tcc atc agt aca gcc tac			240
Gln Gly Gln Val Thr Ile Ser Ala Asp Lys Ser Ile Ser Thr Ala Tyr			
65	70	75	80
ctg cag tgg agc agc ctg aag gcc tcg gac acc gcc atg tat tac tgt			288
Leu Gln Trp Ser Ser Leu Lys Ala Ser Asp Thr Ala Met Tyr Tyr Cys			
85	90	95	
gcg aga ggg tca ggt att gcg acc ggg aac tcg ttc gac tcc tgg ggc			336

Ala Arg Gly Ser Gly Ile Ala Thr Gly Asn Ser Phe Asp Ser Trp Gly

100 105 110

cag gga acc ctg gtc acc gtc tcg agc ggt acg ggc ggt tca ggc gga 384

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Thr Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125

acc ggc agc ggc act ggc ggg tcg acg cag act gtg gtg act cag gag 432

Thr Gly Ser Gly Thr Gly Gly Ser Thr Gln Thr Val Val Thr Gln Glu

130 135 140

ccc tca ctg act gtg tcc cca gga ggg aca gtc act ctc acc tgt gct 480

Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Ala

145 150 155 160

tcc agc act gga gca gtc acc agt ggt tac tat cca aac tgg ttc cag 528

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

165 170 175

cag aaa cct gga caa gca ccc agg gca ctg att tat agt aca agc aag 576

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

180 185 190

aaa cac tcc tgg acc cct gcc cgg ttc tca ggc tcc ctc ctt ggg ggc 624

Lys His Ser Trp Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly

195 200 205

aga gct gcc ctg acc ctt tcg ggt gcg cag cct gag gat gag gct gac 672

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

210 215 220

tat tac tgc ttg ctc tcc tat ggt ggt gct cgg gtg ttc ggc ggg ggg 720

Tyr Tyr Cys Leu Leu Ser Tyr Gly Gly Ala Arg Val Phe Gly Gly Gly

225 230 235 240

acc aag ctg acc gtc cta 738

Thr Lys Leu Thr Val Leu

245

<210> 66

<211> 246

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220><223> SC05-187

<400> 66

Glu Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Glu

1                    5                    10                    15

Ser Leu Lys Ile Ser Cys Lys Gly Ser Gly Tyr Ser Phe Thr Lys Tyr

20                    25                    30

Trp Ile Gly Trp Val Arg Gln Met Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Met

35                    40                    45

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

50                    55                    60

Gln Gly Gln Val Thr Ile Ser Ala Asp Lys Ser Ile Ser Thr Ala Tyr

65                    70                    75                    80

Leu Gln Trp Ser Ser Leu Lys Ala Ser Asp Thr Ala Met Tyr Tyr Cys

85                    90                    95

Ala Arg Gly Ser Gly Ile Ala Thr Gly Asn Ser Phe Asp Ser Trp Gly

100                    105                    110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Thr Gly Gly Ser Gly Gly

115                    120                    125

Thr Gly Ser Gly Thr Gly Gly Ser Thr Gln Thr Val Val Thr Gln Glu

130                    135                    140

Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Ala

145                    150                    155                    160

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

165                    170                    175

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

180                    185                    190

Lys His Ser Trp Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly

195                    200                    205

Arg Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Ala Gln Pro Glu Asp Glu Ala Asp  
 210                          215                          220  
 Tyr Tyr Cys Leu Leu Ser Tyr Gly Gly Ala Arg Val Phe Gly Gly Gly  
 225                          230                          235                          240  
 Thr Lys Leu Thr Val Leu  
 245

<210> 67

<211> 723

<212> DNA

<213> Artificial sequence

<220><223> SC06-016

<220><221> CDS

<222> (1)..(723)

<223>

<400> 67

cag gtg cag ctg gtg caa tct gga cct gag gtg aag aag cct ggg gcc            48  
 Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Pro Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
 1                          5                          10                          15  
 tca gtg acg gtc tcc tgc aag gct tct ggt tac agc ttt agc agt tat            96  
 Ser Val Thr Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ser Phe Ser Ser Tyr  
 20                          25                          30  
 ggt atc agc tgg gtg cga cag gcc cct gga caa ggg ctt gag tgg atg            144  
 Gly Ile Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met  
 35                          40                          45  
 gga aga atc atc cca gtt gga ggt aac aca ctc tac tca cag atg ttc            192  
 Gly Arg Ile Ile Pro Val Gly Gly Asn Thr Leu Tyr Ser Gln Met Phe  
 50                          55                          60  
 cag ggc aga gtc acc atg acc agt gac acg tcc acg agc aca gtc tac            240  
 Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Ser Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr  
 65                          70                          75                          80  
 ctg gag ctg agc agc ctg aga tct gag gac acc gcc gtc tat ttc tgt            288  
 Leu Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys

85	90	95	
gcg aga gat ggc ggc agg tgg cag ttt gac tac tgg ggc cag gga acc			336
Ala Arg Asp Gly Gly Arg Trp Gln Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr			
100	105	110	
ctg gtc acc gtc tcg agc ggt acg ggc ggt tca ggc gga acc ggc agc			384
Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Thr Gly Gly Ser Gly Gly Thr Gly Ser			
115	120	125	
ggc act ggc ggg tcg acg gac atc cag ttg acc cag tct cca tct tcc			432
Gly Thr Gly Gly Ser Thr Asp Ile Gln Leu Thr Gln Ser Pro Ser Ser			
130	135	140	
gtg tct gca tct gta gga gac aga gtc acc atc act tgt cgg gcg agt			480
Val Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser			
145	150	155	160
cag ggt att agc aac tgg tta gcc tgg tat cag cag aaa cca ggg aaa			528
Gln Gly Ile Ser Asn Trp Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys			
165	170	175	
gcc cct gaa ctc ctg att tat gct gca tca agt tta cag agt ggg gtc			576
Ala Pro Glu Leu Leu Ile Tyr Ala Ala Ser Ser Leu Gln Ser Gly Val			
180	185	190	
cca cca cgg ttc agc ggc agt gcg tcc ggg aca gat ttc act ctc acc			624
Pro Pro Arg Phe Ser Gly Ser Ala Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr			
195	200	205	
atc agc agc ctg cag cct gaa gat ttt gca act tat tat tgt caa cag			672
Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln			
210	215	220	
tct aag aat ttc cct tac act ttt ggc cag ggg acc aag gtg gag atc			720
Ser Lys Asn Phe Pro Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile			
225	230	235	240
aaa			723



Lys

<210> 68

<211> 241

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220><223> SC06-016

<400> 68

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Pro Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala

1                    5                    10                    15

Ser Val Thr Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ser Phe Ser Ser Tyr

                  20                    25                    30

Gly Ile Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

                  35                    40                    45

Gly Arg Ile Ile Pro Val Gly Gly Asn Thr Leu Tyr Ser Gln Met Phe

                  50                    55                    60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Ser Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr

65                    70                    75                    80

Leu Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys

                  85                    90                    95

Ala Arg Asp Gly Gly Arg Trp Gln Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr

                  100                    105                    110

Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Thr Gly Gly Ser Gly Gly Thr Gly Ser

                  115                    120                    125

Gly Thr Gly Gly Ser Thr Asp Ile Gln Leu Thr Gln Ser Pro Ser Ser

                  130                    135                    140

Val Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser

145                    150                    155                    160

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

                  165                    170                    175

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

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

Lys

<210> 69

<211> 747

<212> DNA

<213> Artificial sequence

<220><223> SC06-043

<220><221> CDS

<222> (1)..(747)

<223>

<400> 69

gag gtg cag ctg gtg gag tct gga gca gag gtg aaa aag ccc ggg gag 48

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Glu

1 5 10 15

tct ctg aag atc tcc tgt aag ggt tct gga tac agc ttt acc agc tac 96

Ser Leu Lys Ile Ser Cys Lys Gly Ser Gly Tyr Ser Phe Thr Ser Tyr

20 25 30

tgg atc ggc tgg gtg cgc cag atg ccc ggg aaa ggc ctg gag tgg atg 144

Trp Ile Gly Trp Val Arg Gln Met Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

ggg atc atc tat cct ggt gac tct gat acc aga tac agc ccg tcc ttc 192

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

50 55 60

caa ggc cag gtc acc atc tca gcc gac aag tcc atc agc acc gcc tac 240

Gln Gly Gln Val Thr Ile Ser Ala Asp Lys Ser Ile Ser Thr Ala Tyr

65	70	75	80	
ctg cag tgg agc agc ctg aag gcc tgc gac acc gcc atg tat tac tgt				288
Leu Gln Trp Ser Ser Leu Lys Ala Ser Asp Thr Ala Met Tyr Tyr Cys				
	85	90	95	
gcg aga cga tat tgt agt ggt ggt acc tgc tcc gat ggt ttt gat atc				336
Ala Arg Arg Tyr Cys Ser Gly Gly Thr Cys Ser Asp Gly Phe Asp Ile				
	100	105	110	
tgg ggc caa ggg aca atg gtc acc gtc tgc agc ggt acg ggc ggt tca				384
Trp Gly Gln Gly Thr Met Val Thr Val Ser Ser Gly Thr Gly Gly Ser				
	115	120	125	
ggc gga acc ggc agc ggc act ggc ggg tgc acg cag tct gcc ctg act				432
Gly Gly Thr Gly Ser Gly Thr Gly Gly Ser Thr Gln Ser Ala Leu Thr				
	130	135	140	
cag cct ccc tcc gcg tcc ggg tct cct gga cag tca gtc acc atc tcc				480
Gln Pro Pro Ser Ala Ser Gly Ser Pro Gly Gln Ser Val Thr Ile Ser				
	145	150	155	160
tgc act gga acc agc agt gac gtt ggt ggt tat aac tat gtc tcc tgg				528
Cys Thr Gly Thr Ser Ser Asp Val Gly Gly Tyr Asn Tyr Val Ser Trp				
	165	170	175	
tac caa cag cac cca ggc aaa gcc ccc aaa ctc atg att tat gag gtc				576
Tyr Gln Gln His Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Met Ile Tyr Glu Val				
	180	185	190	
agt aag cgg ccc tca ggg gtc cct gat cgc ttc tct ggc tcc aag tct				624
Ser Lys Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Lys Ser				
	195	200	205	
ggc aac acg gcc tcc ctg acc gtc tct ggg ctc cag gct gag gat gag				672
Gly Asn Thr Ala Ser Leu Thr Val Ser Gly Leu Gln Ala Glu Asp Glu				
	210	215	220	
gct gat tat tac tgc agc tca tat gca ggc agc aac aat ttg gta ttc				720
Ala Asp Tyr Tyr Cys Ser Ser Tyr Ala Gly Ser Asn Asn Leu Val Phe				
	225	230	235	240

ggc gga ggg acc aag ctg acc gtc cta

747

Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

245

<210> 70

<211> 249

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220><223> SC06-043

<400> 70

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Glu

1                    5                    10                    15

Ser Leu Lys Ile Ser Cys Lys Gly Ser Gly Tyr Ser Phe Thr Ser Tyr

20                    25                    30

Trp Ile Gly Trp Val Arg Gln Met Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Met

35                    40                    45

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

50                    55                    60

Gln Gly Gln Val Thr Ile Ser Ala Asp Lys Ser Ile Ser Thr Ala Tyr

65                    70                    75                    80

Leu Gln Trp Ser Ser Leu Lys Ala Ser Asp Thr Ala Met Tyr Tyr Cys

85                    90                    95

Ala Arg Arg Tyr Cys Ser Gly Gly Thr Cys Ser Asp Gly Phe Asp Ile

100                    105                    110

Trp Gly Gln Gly Thr Met Val Thr Val Ser Ser Gly Thr Gly Gly Ser

115                    120                    125

Gly Gly Thr Gly Ser Gly Thr Gly Gly Ser Thr Gln Ser Ala Leu Thr

130                    135                    140

Gln Pro Pro Ser Ala Ser Gly Ser Pro Gly Gln Ser Val Thr Ile Ser

145                    150                    155                    160

Cys Thr Gly Thr Ser Ser Asp Val Gly Gly Tyr Asn Tyr Val Ser Trp

165                    170                    175

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

Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu  
 245

<210> 71

<211> 738

<212> DNA

<213> Artificial sequence

<220><223> SC06-049

<220><221> CDS

<222> (1)..(738)

<223>

<400> 71

cag gtc cag ctg gtg cag tct gga gca gag gtg aaa aag ccc ggg gag 48

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Glu

1 5 10 15

tct ctg aag atc tcc tgt aag ggt tct gga tac agc ttt acc agc tac 96

Ser Leu Lys Ile Ser Cys Lys Gly Ser Gly Tyr Ser Phe Thr Ser Tyr

20 25 30

tgg att ggc tgg gtg cgc cag atg ccc ggg aaa ggc ctg gag tgg atg 144

Trp Ile Gly Trp Val Arg Gln Met Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

ggg atc atc tat cct ggt gac tct gat acc aga tac agc ccg tcc ttc 192

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

50 55 60

caa ggc cag gtc acc atc tca gcc gac aag tcc atc ggc acc gcc tac 240

Gln Gly Gln Val Thr Ile Ser Ala Asp Lys Ser Ile Gly Thr Ala Tyr  
 65                      70                      75                      80  
 ctg cag tgg agc agc ctg aag gcc tcg gac acc gcc atg tat tac tgt 288  
 Leu Gln Trp Ser Ser Leu Lys Ala Ser Asp Thr Ala Met Tyr Tyr Cys  
                          85                      90                      95  
  
 gcg aga ctt ttt cgg gtt cgg gga ggc cac ttt gac tcc tgg ggc cag 336  
 Ala Arg Leu Phe Arg Val Arg Gly Gly His Phe Asp Ser Trp Gly Gln  
                          100                      105                      110  
 gga acc ctg gtc acc gtc tcg agc ggt acg gcc ggt tca gcc gga acc 384  
 Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Thr Gly Gly Ser Gly Gly Thr  
                          115                      120                      125  
 ggc agc gcc act gcc ggg tcg acg cag tct gcc ctg act cag cct gcc 432  
  
 Gly Ser Gly Thr Gly Gly Ser Thr Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Ala  
                          130                      135                      140  
 tcc gtg tct ggg tct cct gga cag tcg atc acc atc tcc tgc act gga 480  
 Ser Val Ser Gly Ser Pro Gly Gln Ser Ile Thr Ile Ser Cys Thr Gly  
 145                      150                      155                      160  
 acc aac agt gac gtt ggt ggt tat aac tat gtc tcc tgg tac caa caa 528  
 Thr Asn Ser Asp Val Gly Gly Tyr Asn Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln  
  
                          165                      170                      175  
 cac cca gcc aag gcc ccc aaa ctc ctg att tat gat gtc act aat cgg 576  
 His Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Asp Val Thr Asn Arg  
                          180                      185                      190  
 ccc tcg ggg gtt tct aat cgc ttc tct gcc tcc aag tct gcc aac acg 624  
 Pro Ser Gly Val Ser Asn Arg Phe Ser Ala Ser Lys Ser Gly Asn Thr  
                          195                      200                      205  
  
 gcc tcc ctg acc atc tct ggg ctc cag gct gag gac gag gct gat tat 672  
 Ala Ser Leu Thr Ile Ser Gly Leu Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr  
                          210                      215                      220  
 tac tgc agc tca ttt aca agc agc agc act cgg gtg ttc gcc gga ggg 720  
 Tyr Cys Ser Ser Phe Thr Ser Ser Ser Thr Arg Val Phe Gly Gly Gly

225                    230                    235                    240  
acc aag ctg acc gtc cta

738

Thr Lys Leu Thr Val Leu

245

<210> 72

<211> 246

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220><223> SC06-049

<400> 72

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Glu

1                    5                    10                    15

Ser Leu Lys Ile Ser Cys Lys Gly Ser Gly Tyr Ser Phe Thr Ser Tyr

20                    25                    30

Trp Ile Gly Trp Val Arg Gln Met Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Met

35                    40                    45

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

50                    55                    60

Gln Gly Gln Val Thr Ile Ser Ala Asp Lys Ser Ile Gly Thr Ala Tyr

65                    70                    75                    80

Leu Gln Trp Ser Ser Leu Lys Ala Ser Asp Thr Ala Met Tyr Tyr Cys

85                    90                    95

Ala Arg Leu Phe Arg Val Arg Gly Gly His Phe Asp Ser Trp Gly Gln

100                    105                    110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Thr Gly Gly Ser Gly Gly Thr

115                    120                    125

Gly Ser Gly Thr Gly Gly Ser Thr Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Ala

130                    135                    140

Ser Val Ser Gly Ser Pro Gly Gln Ser Ile Thr Ile Ser Cys Thr Gly

145                    150                    155                    160

Thr Asn Ser Asp Val Gly Gly Tyr Asn Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln

165 170 175  
 His Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Asp Val Thr Asn Arg  
 180 185 190  
 Pro Ser Gly Val Ser Asn Arg Phe Ser Ala Ser Lys Ser Gly Asn Thr  
 195 200 205  
 Ala Ser Leu Thr Ile Ser Gly Leu Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr  
 210 215 220

Tyr Cys Ser Ser Phe Thr Ser Ser Ser Thr Arg Val Phe Gly Gly Gly  
 225 230 235 240  
 Thr Lys Leu Thr Val Leu  
 245

<210> 73

<211> 744

<212> DNA

<213> Artificial sequence

<220><223> SC06-071

<220><221> CDS

<222> (1)..(744)

<223>

<400> 73

gag gtg cag ctg gtg gag tct ggg gga ggc gtg gtc cag cct ggg agg 48  
 Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg  
 1 5 10 15

tcc ctg aga ctc tcc tgt gca gcg tct gga ttc acc ttc agt agc tat 96  
 Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr  
 20 25 30

ggc atg cac tgg gtc cgc cag gct cca ggc aag ggg ctg gag tgg gtg 144  
 Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
 35 40 45

gcg atg atc tgg tct gat gga agt aat aaa tac tat gca gac tcc gtg 192

Ala Met Ile Trp Ser Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
 50 55 60



aag ggc cga ttc acc atc tcc aga gac aat tcc aag aac acg ctg tat 240  
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr  
65 70 75 80  
ctg caa atg aac agc ctg aga gtc gag gac acg gct gtg tat tac tgt 288  
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Val Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys  
85 90 95  
gcg agc aac tat ggt tcg ggg agt tat tgg ggg gga ttt gac tac tgg 336  
Ala Ser Asn Tyr Gly Ser Gly Ser Tyr Trp Gly Gly Phe Asp Tyr Trp  
100 105 110  
ggc cag gga acc ctg gtc acc gtc tcg agc ggt acg ggc ggt tca ggc 384  
Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Thr Gly Gly Ser Gly  
115 120 125  
gga acc ggc agc ggc act ggc ggg tcg acg cag tct gcc ctg act cag 432  
Gly Thr Gly Ser Gly Thr Gly Gly Ser Thr Gln Ser Ala Leu Thr Gln  
130 135 140  
cct gcc tcc gtg tct ggg tct cct gga cag tcg atc acc atc tcc tgc 480  
Pro Ala Ser Val Ser Gly Ser Pro Gly Gln Ser Ile Thr Ile Ser Cys  
145 150 155 160  
act gga acc agc agt gac gtt ggt ggt tat aac ctt gtc tcc tgg tac 528  
Thr Gly Thr Ser Ser Asp Val Gly Gly Tyr Asn Leu Val Ser Trp Tyr  
165 170 175  
caa cag cac cca ggc aaa gcc ccc aaa ctc atg att tat gag ggc agt 576  
Gln Gln His Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Met Ile Tyr Glu Gly Ser  
180 185 190  
aag cgg ccc tca ggg gtt tct aat cgc ttc ttt ggc tcc aag tct ggc 624  
Lys Arg Pro Ser Gly Val Ser Asn Arg Phe Phe Gly Ser Lys Ser Gly  
195 200 205  
gac acg gct tcc ctg acc atc tct ggg ctc cag gct gag gac gag gct 672  
Asp Thr Ala Ser Leu Thr Ile Ser Gly Leu Gln Ala Glu Asp Glu Ala  
210 215 220  
gat tat tac tgc agc tca tat aca acc agc agc act cat gtc ttc gga 720

Asp Tyr Tyr Cys Ser Ser Tyr Thr Thr Ser Ser Thr His Val Phe Gly  
 225 230 235 240

act ggg acc aag gtc acc gtc cta 744

Thr Gly Thr Lys Val Thr Val Leu  
 245

<210> 74

<211> 248

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220><223> SC06-071

<400> 74

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg  
 1 5 10 15  
 Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr

20 25 30  
 Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
 35 40 45

Ala Met Ile Trp Ser Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
 50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr  
 65 70 75 80

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Val Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95  
 Ala Ser Asn Tyr Gly Ser Gly Ser Tyr Trp Gly Gly Phe Asp Tyr Trp

100 105 110  
 Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Thr Gly Gly Ser Gly  
 115 120 125

Gly Thr Gly Ser Gly Thr Gly Gly Ser Thr Gln Ser Ala Leu Thr Gln  
 130 135 140

Pro Ala Ser Val Ser Gly Ser Pro Gly Gln Ser Ile Thr Ile Ser Cys  
 145 150 155 160

Thr Gly Thr Ser Ser Asp Val Gly Gly Tyr Asn Leu Val Ser Trp Tyr  
 165 170 175  
 Gln Gln His Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Met Ile Tyr Glu Gly Ser  
 180 185 190  
 Lys Arg Pro Ser Gly Val Ser Asn Arg Phe Phe Gly Ser Lys Ser Gly  
 195 200 205  
 Asp Thr Ala Ser Leu Thr Ile Ser Gly Leu Gln Ala Glu Asp Glu Ala

210 215 220  
 Asp Tyr Tyr Cys Ser Ser Tyr Thr Thr Ser Ser Thr His Val Phe Gly  
 225 230 235 240  
 Thr Gly Thr Lys Val Thr Val Leu  
 245

<210> 75  
 <211> 735  
 <212> DNA  
 <213> Artificial sequence  
 <220><223> SC06-078  
 <220><221> CDS  
 <222> (1)..(735)  
 <223>  
 <400> 75

gag gtg cag ctg gtg gag tct ggg gct gag gtg aag aag cct ggg tcc 48  
 Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ser

1 5 10 15  
 tcg gtg aag gtc tcc tgc aag gct tct gga ggc acc ttc agc agc tat 96  
 Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Gly Thr Phe Ser Ser Tyr  
 20 25 30

gct att agc tgg gtg cga cag gcc cct gga caa ggg ctt gag tgg atg 144  
 Ala Ile Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met  
 35 40 45

gga ggg atc atc cct atc ttt ggt aca gca aac tac gca cag aag ttc 192  
 Gly Gly Ile Ile Pro Ile Phe Gly Thr Ala Asn Tyr Ala Gln Lys Phe

50	55	60	
cag ggc aaa gtc acg att acc gcg gac gaa tcc acg agc aca gcc tac			240
Gln Gly Lys Val Thr Ile Thr Ala Asp Glu Ser Thr Ser Thr Ala Tyr			
65	70	75	80
atg gag ctg agc agc ctg aga tct gag gac acg gcc gtg tat tac tgt			288
Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys			
	85	90	95
gcg aga ctc agc ccg cgc tac tac ggt atg gac gtc tgg ggc caa ggg			336
Ala Arg Leu Ser Pro Arg Tyr Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly			
	100	105	110
acc acg gtc acc gtc tcg agc ggt acg ggc ggt tca ggc gga acc ggc			384
Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Thr Gly Gly Ser Gly Gly Thr Gly			
	115	120	125
agc ggc act ggc ggg tcg acg cag tct gcc ctg act cag cct cgc tca			432
Ser Gly Thr Gly Gly Ser Thr Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Arg Ser			
	130	135	140
gtg tcc ggg tct cct gga cag tca gtc acc atc tcc tgc act gga acc			480
Val Ser Gly Ser Pro Gly Gln Ser Val Thr Ile Ser Cys Thr Gly Thr			
145	150	155	160
agc agt gat gtt ggt ggt tat aac tat gtc tcc tgg tac caa cag cac			528
Ser Ser Asp Val Gly Gly Tyr Asn Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln His			
	165	170	175
cca ggc aaa gcc ccc aaa ctc atg att tat ggg ggc agt gag cgg ccc			576
Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Met Ile Tyr Gly Gly Ser Glu Arg Pro			
	180	185	190
tca ggg gtt tct aat cgc ttc tct ggc tcc aag tct ggc aac acg gcc			624
Ser Gly Val Ser Asn Arg Phe Ser Gly Ser Lys Ser Gly Asn Thr Ala			
	195	200	205
tcc ctg aca atc tct ggg gtc cag gct gag gac gag gct gat tat tac			672
Ser Leu Thr Ile Ser Gly Val Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr			
	210	215	220

tgc agc tca tat aca agc agc ggc act ctg cta ttc ggc gga ggc acc 720  
 Cys Ser Ser Tyr Thr Ser Ser Gly Thr Leu Leu Phe Gly Gly Gly Thr

225 230 235 240  
 cag ctg acc gtc ctc 735  
 Gln Leu Thr Val Leu

245  
 <210> 76  
 <211> 245  
 <212> PRT  
 <213> Artificial sequence  
 <220><223> SC06-078  
 <400> 76

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ser  
 1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Gly Thr Phe Ser Ser Tyr  
 20 25 30

Ala Ile Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met  
 35 40 45

Gly Gly Ile Ile Pro Ile Phe Gly Thr Ala Asn Tyr Ala Gln Lys Phe  
 50 55 60

Gln Gly Lys Val Thr Ile Thr Ala Asp Glu Ser Thr Ser Thr Ala Tyr  
 65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys  
 85 90 95

Ala Arg Leu Ser Pro Arg Tyr Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly  
 100 105 110

Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Thr Gly Gly Ser Gly Gly Thr Gly  
 115 120 125

Ser Gly Thr Gly Gly Ser Thr Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Arg Ser  
 130 135 140

Val Ser Gly Ser Pro Gly Gln Ser Val Thr Ile Ser Cys Thr Gly Thr

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

Ser Leu Thr Ile Ser Gly Val Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr  
                                  210                    215                    220  
 Cys Ser Ser Tyr Thr Ser Ser Gly Thr Leu Leu Phe Gly Gly Gly Thr  
 225                    230                    235                    240  
 Gln Leu Thr Val Leu  
                                  245

<210> 77

<211> 723

<212> DNA

<213> Artificial sequence

<220><223> SC06-241

<220><221> CDS

<222> (1)..(723)

<223>

<400> 77

gag gtg cag ctg gtg gag tct ggg gga ggc ttg gtc cag cct ggg agg 48

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg  
 1                    5                    10                    15

tcc ctg aga ctc tcc tgt gca gcc tct gga ttc acc ttc aga agc tat 96

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Arg Ser Tyr  
                                  20                    25                    30

gct atg tac tgg gtc cgc cag gct cca ggc aag ggg cta gag tgg ctg 144

Ala Met Tyr Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Leu

                                 35                    40                    45  
 gca ctt ata tca cac gat gca agt aaa atg ttc tac gca gac tcc gtg 192

Ala Leu Ile Ser His Asp Ala Ser Lys Met Phe Tyr Ala Asp Ser Val  
 50 55 60  
 aag ggc cga ttc acc atc tcc aga gac aat tcc aag aac acc ttg tct 240  
 Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Ser  
 65 70 75 80  
 cta caa atg aac agc ctg aca att gag gac acg gct gtg tat tat tgt 288  
 Leu Gln Met Asn Ser Leu Thr Ile Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys  
 85 90 95  
 gtg aga gag cgg act ggt tat tac ggg gct tac tgg ggc cag gga acc 336  
 Val Arg Glu Arg Thr Gly Tyr Tyr Gly Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr  
 100 105 110  
 ctg gtc acc gtc tcg agc ggt acg ggc ggt tca ggc gga acc ggc agc 384  
 Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Thr Gly Gly Ser Gly Gly Thr Gly Ser  
 115 120 125  
 ggc act ggc ggg tcg acg gac atc cag atg acc cag tct cca tct tcc 432  
 Gly Thr Gly Gly Ser Thr Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser  
 130 135 140  
 ctg tct gca tct gta gga gac aga gtc acc ctc act tgt cgg gcg agt 480  
 Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Leu Thr Cys Arg Ala Ser  
 145 150 155 160  
 cag ggt att ggc acc tgg tta gcc tgg tat cag cag aaa cca ggg aaa 528  
 Gln Gly Ile Gly Thr Trp Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys  
 165 170 175  
 gcc cct aag ctc ctg atc tat tct gca tcc agt ttg caa agt ggg gtc 576  
 Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Ser Ala Ser Ser Leu Gln Ser Gly Val  
 180 185 190  
 cca tca agg ttc agt ggc agt gga tct ggg aca gat ttc act ctc agc 624  
 Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Ser  
 195 200 205  
 atc agc aac ctg cag cct gaa gat ttt gca act tac tat tgt caa cag 672  
 Ile Ser Asn Leu Gln Pro Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln

210 215 220  
gct aac agt ttc ccg atc acc ttc ggc caa ggg aca cga ctg gag att 720

Ala Asn Ser Phe Pro Ile Thr Phe Gly Gln Gly Thr Arg Leu Glu Ile  
225 230 235 240  
aaa 723  
Lys

<210> 78  
<211> 241  
<212> PRT  
<213> Artificial sequence  
<220><223> SC06-241  
<400> 78

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg

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

65 70 75 80  
Leu Gln Met Asn Ser Leu Thr Ile Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys  
85 90 95  
Val Arg Glu Arg Thr Gly Tyr Tyr Gly Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr  
100 105 110  
Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Thr Gly Gly Ser Gly Gly Thr Gly Ser  
115 120 125  
Gly Thr Gly Gly Ser Thr Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser

130 135 140



Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Leu Thr Cys Arg Ala Ser  
 145                      150                      155                      160  
 Gln Gly Ile Gly Thr Trp Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys  
                                  165                      170                      175  
 Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Ser Ala Ser Ser Leu Gln Ser Gly Val  
                                  180                      185                      190  
 Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Ser

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

<210> 79

<211> 723

<212> DNA

<213> Artificial sequence

<220><223> SC06-252

<220><221> CDS

<222> (1)..(723)

<223>

<400> 79

gag gtg cag ctg gtg gag acc ggg gga ggc ctc gta cag cct ggg ggg 48

Glu Val Gln Leu Val Glu Thr Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly  
 1                      5                      10                      15

tcc ctg aga ctc tcc tgt gca gcc tct gga ctc acc ttt agc agc tat 96

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Leu Thr Phe Ser Ser Tyr  
                                  20                      25                      30

gcc atg agc tgg gtc cgc cag gct cca ggg aag ggg ctg gag tgg gtc 144

Ala Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
                                  35                      40                      45

tca gct ctt agt ggt agt acc aca ttc tac gca gac tcc gtg aag ggc 192  
 Ser Ala Leu Ser Gly Ser Thr Thr Phe Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly  
 50 55 60

cgg ttc acc atc tcc aga gac aac gcc aag aac acg ctg tat ctg caa 240  
 Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr Leu Gln  
 65 70 75 80

atg aac agt ctg aga gcc gag gac acg gct gtg tat tac tgt gca cga 288  
 Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Arg  
 85 90 95

ggt aat tac tac ggt atg gac gtc tgg ggc caa ggg acc acg gtc acc 336  
 Gly Asn Tyr Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr  
 100 105 110

gtc tcg agc ggt acg ggc ggt tca ggc gga acc ggc agc ggc act ggc 384

Val Ser Ser Gly Thr Gly Gly Ser Gly Gly Thr Gly Ser Gly Thr Gly  
 115 120 125

ggg tcg acg tcc tat gtg ctg act cag cca ccc tca gcg tct ggg acc 432  
 Gly Ser Thr Ser Tyr Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Ser Gly Thr  
 130 135 140

ccc ggg cag agg gtc acc atc tct tgt tcc gga agc agc tcc aac atc 480  
 Pro Gly Gln Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile  
 145 150 155 160

gga aag ttt tat gtg tac tgg tac cag cag ttc cca gga gcg gcc ccc 528  
 Gly Lys Phe Tyr Val Tyr Trp Tyr Gln Gln Phe Pro Gly Ala Ala Pro  
 165 170 175

aaa ctc ctc atc tat agt aat aat cag cgg ccc tca ggg gtc cct gac 576  
 Lys Leu Leu Ile Tyr Ser Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp  
 180 185 190

cga ttc tct ggc tcc aag tct ggc acc tca gcc tcc ctg gcc atc agt 624  
 Arg Phe Ser Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser  
 195 200 205

ggg ctc cag tct gag gat gag gct gat tat tac tgt gca gca tgg gat 672

Gly Leu Gln Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Ala Trp Asp  
 210 215 220  
 ggc agc ctg aat ggt tat gtc ttc gga act ggg acc aag gtc acc gtc 720

Gly Ser Leu Asn Gly Tyr Val Phe Gly Thr Gly Thr Lys Val Thr Val  
 225 230 235 240  
 cta 723  
 Leu

<210> 80  
 <211> 241  
 <212> PRT  
 <213> Artificial sequence  
 <220><223> SC06-252  
 <400> 80

Glu Val Gln Leu Val Glu Thr Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly

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

65 70 75 80  
 Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Arg  
 85 90 95  
 Gly Asn Tyr Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr  
 100 105 110  
 Val Ser Ser Gly Thr Gly Gly Ser Gly Gly Thr Gly Ser Gly Thr Gly  
 115 120 125  
 Gly Ser Thr Ser Tyr Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Ser Gly Thr

130 135 140  
 Pro Gly Gln Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile  
 145 150 155 160  
 Gly Lys Phe Tyr Val Tyr Trp Tyr Gln Gln Phe Pro Gly Ala Ala Pro  
 165 170 175  
 Lys Leu Leu Ile Tyr Ser Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp  
 180 185 190  
 Arg Phe Ser Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser

195 200 205  
 Gly Leu Gln Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Ala Trp Asp  
 210 215 220  
 Gly Ser Leu Asn Gly Tyr Val Phe Gly Thr Gly Thr Lys Val Thr Val  
 225 230 235 240  
 Leu

<210> 81  
 <211> 1359  
 <212> DNA  
 <213> Homo sapiens  
 <220><221> CDS  
 <222> (1)..(1359)  
 <223>  
 <400> 81

cag gtc cag ctg gta cag tct ggg gct gag gtg aag aag ccc ggg gct 48

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
 1 5 10 15  
 aca gtg aaa atc tcc tgc aag gtt tct gga tac acc ttc acc gac tac 96  
 Thr Val Lys Ile Ser Cys Lys Val Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asp Tyr  
 20 25 30  
 tac atg cac tgg gtg caa cag gcc cct gga aaa ggg ctt gag tgg atg 144  
 Tyr Met His Trp Val Gln Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

gga ctt gtt gat cct gaa gat ggt gaa aca ata tac gca gag aag ttc 192  
 Gly Leu Val Asp Pro Glu Asp Gly Glu Thr Ile Tyr Ala Glu Lys Phe  
 50 55 60

cag ggc aga gtc acc ata acc gcg gac acg tct aca gac aca gcc tac 240  
 Gln Gly Arg Val Thr Ile Thr Ala Asp Thr Ser Thr Asp Thr Ala Tyr  
 65 70 75 80

atg gag ctg agc agc ctg aga tct gac gac acg gcc gtg tat tac tgc 288  
 Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys  
 85 90 95

gcg aga gct gag gtg atg act aca att aac aac tgg tac ttc gac ctc 336  
 Ala Arg Ala Glu Val Met Thr Thr Ile Asn Asn Trp Tyr Phe Asp Leu  
 100 105 110

tgg ggc cgt ggc acc ctg gtc acc gtc tgc agt gct agc acc aag ggc 384

Trp Gly Arg Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly  
 115 120 125

ccc agc gtg ttc ccc ctg gcc ccc agc agc aag agc acc agc ggc ggc 432  
 Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly  
 130 135 140

aca gcc gcc ctg ggc tgc ctg gtg aag gac tac ttc ccc gag ccc gtg 480  
 Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val  
 145 150 155 160

acc gtg agc tgg aac agc ggc gcc ttg acc agc ggc gtg cac acc ttc 528  
 Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe  
 165 170 175

ccc gcc gtg ctg cag agc agc ggc ctg tac agc ctg agc agc gtg gtg 576  
 Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val  
 180 185 190

acc gtg ccc agc agc agc ctg ggc acc cag acc tac atc tgc aac gtg 624  
 Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val  
 195 200 205

aac cac aag ccc agc aac acc aag gtg gac aaa cgc gtg gag ccc aag 672

Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Pro Lys  
 210 215 220  
 agc tgc gac aag acc cac acc tgc ccc ccc tgc cct gcc ccc gag ctg 720  
  
 Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu  
 225 230 235 240  
 ctg ggc gga ccc tcc gtg ttc ctg ttc ccc ccc aag ccc aag gac acc 768  
 Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr  
 245 250 255  
 ctc atg atc agc cgg acc ccc gag gtg acc tgc gtg gtg gtg gac gtg 816  
 Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val  
 260 265 270  
 agc cac gag gac ccc gag gtg aag ttc aac tgg tac gtg gac ggc gtg 864  
 Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val  
 275 280 285  
 gag gtg cac aac gcc aag acc aag ccc cgg gag gag cag tac aac agc 912  
 Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser  
 290 295 300  
 acc tac cgg gtg gtg agc gtg ctc acc gtg ctg cac cag gac tgg ctg 960  
 Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu  
 305 310 315 320  
 aac ggc aag gag tac aag tgc aag gtg agc aac aag gcc ctg cct gcc 1008  
 Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala  
 325 330 335  
 ccc atc gag aag acc atc agc aag gcc aag ggc cag ccc cgg gag ccc 1056  
  
 Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro  
 340 345 350  
 cag gtg tac acc ctg ccc ccc agc cgg gag gag atg acc aag aac cag 1104  
 Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln  
 355 360 365  
 gtg tcc ctc acc tgt ctg gtg aag ggc ttc tac ccc agc gac atc gcc 1152

Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala  
 370 375 380  
 gtg gag tgg gag agc aac ggc cag ccc gag aac aac tac aag acc acc 1200  
 Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr  
 385 390 395 400  
 ccc cct gtg ctg gac agc gac ggc agc ttc ttc ctg tac agc aag etc 1248  
 Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu  
 405 410 415  
 acc gtg gac aag agc cgg tgg cag cag ggc aac gtg ttc agc tgc agc 1296  
 Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser  
 420 425 430  
 gtg atg cac gag gcc ctg cac aac cac tac acc cag aag agc ctg agc 1344  
 Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser  
 435 440 445  
 ctg agc ccc ggc aag 1359

Leu Ser Pro Gly Lys

450

<210> 82

<211> 453

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 82

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Thr Val Lys Ile Ser Cys Lys Val Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asp Tyr

20 25 30

Tyr Met His Trp Val Gln Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

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

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Ile Thr Ala Asp Thr Ser Thr Asp Thr Ala Tyr

65                                    70                                    75                                    80  
 Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys  
    85                                    90                                    95  
 Ala Arg Ala Glu Val Met Thr Thr Ile Asn Asn Trp Tyr Phe Asp Leu  
  
    100                                    105                                    110  
 Trp Gly Arg Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly  
    115                                    120                                    125  
 Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly  
    130                                    135                                    140  
 Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val  
 145                                    150                                    155                                    160  
 Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe  
  
    165                                    170                                    175  
 Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val  
    180                                    185                                    190  
 Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val  
    195                                    200                                    205  
 Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Pro Lys  
    210                                    215                                    220  
 Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu  
  
 225                                    230                                    235                                    240  
 Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr  
    245                                    250                                    255  
 Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val  
    260                                    265                                    270  
 Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val  
    275                                    280                                    285  
 Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser  
  
    290                                    295                                    300  
 Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu  
 305                                    310                                    315                                    320



Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala  
 325 330 335

Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro  
 340 345 350

Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln  
 355 360 365

Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala  
 370 375 380

Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr  
 385 390 395 400

Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu  
 405 410 415

Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser  
 420 425 430

Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser  
 435 440 445

Leu Ser Pro Gly Lys  
 450

<210> 83

<211> 1389

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220><221> CDS

<222> (1)..(1389)

<223>

<400> 83

cag gtc cag ctg gta cag tct gga gct gag gtg aag aag cct ggg gcc 48  
 Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15  
 tca gtg aag gtc tcc tgc aag gct tct ggt tac acc ttt acc agc tat 96  
 Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr  
 20 25 30

gct atc agc tgg gtg cga cag gcc cct gga caa ggg ctt gag tgg atg 144  
 Ala Ile Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met  
 35 40 45

gga tgg atc agc gct tac aat ggt aac aca aac tat gca cgg aag ctc 192  
 Gly Trp Ile Ser Ala Tyr Asn Gly Asn Thr Asn Tyr Ala Arg Lys Leu  
 50 55 60

cag ggc aga gtc acc atg acc aca gac aca tcc acg agc aca gcc tac 240  
 Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Thr Asp Thr Ser Thr Ser Thr Ala Tyr  
 65 70 75 80

atg gag ctg agg agc ctg aga tct gac gac acg gcc gtg tat tac tgt 288

Met Glu Leu Arg Ser Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys  
 85 90 95

gcg aga gcg ggg cta atg ttt acg gca tgg ttc ggg gag tta tgg gac 336  
 Ala Arg Ala Gly Leu Met Phe Thr Ala Trp Phe Gly Glu Leu Trp Asp  
 100 105 110

cac ggg acg aag gac aac tgg ttc gac ccc tgg ggc cag gga acc ctg 384  
 His Gly Thr Lys Asp Asn Trp Phe Asp Pro Trp Gly Gln Gly Thr Leu  
 115 120 125

gtc acc gtc tgc agt gct age acc aag ggc ccc age gtg ttc ccc ctg 432  
 Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu  
 130 135 140

gcc ccc agc agc aag age acc age ggc ggc aca gcc gcc ctg ggc tgc 480  
 Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys  
 145 150 155 160

ctg gtg aag gac tac ttc ccc gag ccc gtg acc gtg agc tgg aac agc 528  
 Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser  
 165 170 175

ggc gcc ttg acc age ggc gtg cac acc ttc ccc gcc gtg ctg cag agc 576  
 Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser  
 180 185 190

agc ggc ctg tac agc ctg agc agc gtg gtg acc gtg ccc agc agc agc 624  
  
 Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser  
           195                          200                          205  
 ctg ggc acc cag acc tac atc tgc aac gtg aac cac aag ccc agc aac 672  
 Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn  
           210                          215                          220  
 acc aag gtg gac aaa cgc gtg gag ccc aag agc tgc gac aag acc cac 720  
 Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His  
  
 225                          230                          235                          240  
 acc tgc ccc ccc tgc cct gcc ccc gag ctg ctg ggc gga ccc tcc gtg 768  
 Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val  
                           245                          250                          255  
 ttc ctg ttc ccc ccc aag ccc aag gac acc ctc atg atc agc cgg acc 816  
 Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr  
                           260                          265                          270  
  
 ccc gag gtg acc tgc gtg gtg gtg gac gtg agc cac gag gac ccc gag 864  
 Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu  
           275                          280                          285  
 gtg aag ttc aac tgg tac gtg gac ggc gtg gag gtg cac aac gcc aag 912  
 Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys  
           290                          295                          300  
 acc aag ccc cgg gag gag cag tac aac agc acc tac cgg gtg gtg agc 960  
  
 Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser  
 305                          310                          315                          320  
 gtg ctc acc gtg ctg cac cag gac tgg ctg aac ggc aag gag tac aag 1008  
 Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys  
                           325                          330                          335  
 tgc aag gtg agc aac aag gcc ctg cct gcc ccc atc gag aag acc atc 1056  
 Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile



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

Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys  
 290 295 300

Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser  
 305 310 315 320

Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys  
 325 330 335

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

Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro  
 355 360 365

Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu  
 370 375 380

Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn  
 385 390 395 400

Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser  
 405 410 415

Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg  
 420 425 430

Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu  
 435 440 445

His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys  
 450 455 460

<210> 85

<211> 1353

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220><221> CDS

<222> (1)..(1353)

<223>

<400> 85

gag gtc cag ctg gtg cag tct gga gca gag gtg aaa aag ccg ggg gag

48

Glu Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Glu

1                    5                    10                    15

tct ctg aag atc tcc tgt aag ggt tct gga tac agc ttt acc aag tac            96

Ser Leu Lys Ile Ser Cys Lys Gly Ser Gly Tyr Ser Phe Thr Lys Tyr

                  20                    25                    30

tgg atc ggc tgg gtg cgc cag atg ccc ggg aaa ggc ctg gag tgg atg            144

Trp Ile Gly Trp Val Arg Gln Met Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Met

                  35                    40                    45

ggg atc atc tat cct ggt gac tct gac acc aga tac agc ccg tcc ttc            192

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

                  50                    55                    60

caa ggc cag gtc acc atc tca gcc gac aag tcc atc agt aca gcc tac            240

Gln Gly Gln Val Thr Ile Ser Ala Asp Lys Ser Ile Ser Thr Ala Tyr

65                    70                    75                    80

ctg cag tgg agc agc ctg aag gcc tcg gac acc gcc atg tat tac tgt            288

Leu Gln Trp Ser Ser Leu Lys Ala Ser Asp Thr Ala Met Tyr Tyr Cys

                  85                    90                    95

gcg aga ggg tca ggt att gcg acc ggg aac tcg ttc gac tcc tgg ggc            336

Ala Arg Gly Ser Gly Ile Ala Thr Gly Asn Ser Phe Asp Ser Trp Gly

                  100                    105                    110

cag gga acc ctg gtc acc gtc tcg agt gct agc acc aag ggc ccc agc            384

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser

                  115                    120                    125

gtg ttc ccc ctg gcc ccc agc agc aag agc acc agc ggc ggc aca gcc            432

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

                  130                    135                    140

gcc ctg ggc tgc ctg gtg aag gac tac ttc ccc gag ccc gtg acc gtg            480

Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val

145                    150                    155                    160

agc tgg aac agc ggc gcc ttg acc agc ggc gtg cac acc ttc ccc gcc 528  
 Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala  
                   165                  170                  175  
 gtg ctg cag agc agc ggc ctg tac agc ctg agc agc gtg gtg acc gtg 576  
 Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val  
                   180                  185                  190  
 ccc agc agc agc ctg ggc acc cag acc tac atc tgc aac gtg aac cac 624  
  
 Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His  
                   195                  200                  205  
 aag ccc agc aac acc aag gtg gac aaa cgc gtg gag ccc aag agc tgc 672  
 Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Pro Lys Ser Cys  
                   210                  215                  220  
 gac aag acc cac acc tgc ccc ccc tgc cct gcc ccc gag ctg ctg ggc 720  
 Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly  
  
 225                  230                  235                  240  
 gga ccc tcc gtg ttc ctg ttc ccc ccc aag ccc aag gac acc ctc atg 768  
 Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met  
                   245                  250                  255  
 atc agc cgg acc ccc gag gtg acc tgc gtg gtg gtg gac gtg agc cac 816  
 Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His  
                   260                  265                  270  
  
 gag gac ccc gag gtg aag ttc aac tgg tac gtg gac ggc gtg gag gtg 864  
 Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val  
                   275                  280                  285  
 cac aac gcc aag acc aag ccc cgg gag gag cag tac aac agc acc tac 912  
 His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr  
                   290                  295                  300  
 cgg gtg gtg agc gtg ctc acc gtg ctg cac cag gac tgg ctg aac ggc 960  
  
 Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly  
 305                  310                  315                  320  
 aag gag tac aag tgc aag gtg agc aac aag gcc ctg cct gcc ccc atc 1008



Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile  
 325 330 335  
 gag aag acc atc agc aag gcc aag ggc cag ccc cgg gag ccc cag gtg 1056  
 Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val  
 340 345 350  
 tac acc ctg ccc ccc agc cgg gag gag atg acc aag aac cag gtg tcc 1104  
 Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser  
 355 360 365  
 ctc acc tgt ctg gtg aag ggc ttc tac ccc agc gac atc gcc gtg gag 1152  
 Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu  
 370 375 380  
 tgg gag agc aac ggc cag ccc gag aac aac tac aag acc acc ccc cct 1200  
 Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro  
 385 390 395 400  
 gtg ctg gac agc gac ggc agc ttc ttc ctg tac agc aag ctc acc gtg 1248  
 Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val  
 405 410 415  
 gac aag agc cgg tgg cag cag ggc aac gtg ttc agc tgc agc gtg atg 1296  
 Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met  
 420 425 430  
 cac gag gcc ctg cac aac cac tac acc cag aag agc ctg agc ctg agc 1344  
 His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser  
 435 440 445  
 ccc ggc aag 1353  
 Pro Gly Lys  
 450  
 <210> 86  
 <211> 451  
 <212> PRT  
 <213> Homo sapiens  
 <400> 86

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

245                                  250                                  255  
 Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His  
 260                                  265                                  270  
 Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val  
 275                                  280                                  285  
 His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr  
 290                                  295                                  300  
  
 Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly  
 305                                  310                                  315                                  320  
 Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile  
 325                                  330                                  335  
 Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val  
 340                                  345                                  350  
 Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser  
 355                                  360                                  365  
  
 Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu  
 370                                  375                                  380  
 Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro  
 385                                  390                                  395                                  400  
 Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val  
 405                                  410                                  415  
 Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met  
 420                                  425                                  430  
  
 His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser  
 435                                  440                                  445  
 Pro Gly Lys  
 450  
 <210> 87  
 <211> 1344  
 <212> DNA  
 <213> Homo sapiens  
 <220><221> CDS

<222> (1)..(1344)

<223>

<400> 87

cag gtg cag ctg gtg caa tct gga cct gag gtg aag aag cct ggg gcc	48
Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Pro Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala	
1                                    5                                    10                                    15	
tca gtg acg gtc tcc tgc aag gct tct ggt tac agc ttt agc agt tat	96
Ser Val Thr Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ser Phe Ser Ser Tyr	
20                                    25                                    30	
ggt atc agc tgg gtg cga cag gcc cct gga caa ggg ctt gag tgg atg	144
Gly Ile Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met	
35                                    40                                    45	
gga aga atc atc cca gtt gga ggt aac aca ctc tac tca cag atg ttc	192
Gly Arg Ile Ile Pro Val Gly Gly Asn Thr Leu Tyr Ser Gln Met Phe	
50                                    55                                    60	
cag ggc aga gtc acc atg acc agt gac acg tcc acg agc aca gtc tac	240
Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Ser Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr	
65                                    70                                    75                                    80	
ctg gag ctg agc agc ctg aga tct gag gac acc gcc gtc tat ttc tgt	288
Leu Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys	
85                                    90                                    95	
gcg aga gat ggc ggc agg tgg cag ttt gac tac tgg ggc cag gga acc	336
Ala Arg Asp Gly Gly Arg Trp Gln Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr	
100                                    105                                    110	
ctg gtc acc gtc tcg agt gct agc acc aag ggc ccc agc gtg ttc ccc	384
Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro	
115                                    120                                    125	
ctg gcc ccc agc agc aag agc acc agc ggc ggc aca gcc gcc ctg ggc	432
Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly	
130                                    135                                    140	
tgc ctg gtg aag gac tac ttc ccc gag ccc gtg acc gtg agc tgg aac	480

Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn  
 145                      150                      155                      160  
 agc ggc gcc ttg acc agc ggc gtg cac acc ttc ccc gcc gtg ctg cag      528  
 Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln  
                                  165                      170                      175  
 agc agc ggc ctg tac agc ctg agc agc gtg gtg acc gtg ccc agc agc      576  
 Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser  
                                  180                      185                      190  
 agc ctg ggc acc cag acc tac atc tgc aac gtg aac cac aag ccc agc      624  
 Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser  
                                  195                      200                      205  
  
 aac acc aag gtg gac aaa cgc gtg gag ccc aag agc tgc gac aag acc      672  
 Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr  
                                  210                      215                      220  
 cac acc tgc ccc ccc tgc cct gcc ccc gag ctg ctg ggc gga ccc tcc      720  
 His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser  
 225                      230                      235                      240  
 gtg ttc ctg ttc ccc ccc aag ccc aag gac acc ctc atg atc agc cgg      768  
  
 Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg  
                                  245                      250                      255  
 acc ccc gag gtg acc tgc gtg gtg gtg gac gtg agc cac gag gac ccc      816  
 Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro  
                                  260                      265                      270  
 gag gtg aag ttc aac tgg tac gtg gac ggc gtg gag gtg cac aac gcc      864  
 Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala  
  
                                  275                      280                      285  
 aag acc aag ccc cgg gag gag cag tac aac agc acc tac cgg gtg gtg      912  
 Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val  
                                  290                      295                      300  
 agc gtg ctc acc gtg ctg cac cag gac tgg ctg aac ggc aag gag tac      960  
 Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr

305                              310                              315                              320  
  
 aag tgc aag gtg agc aac aag gcc ctg cct gcc ccc atc gag aag acc      1008  
 Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr  
  
    325                              330                              335  
 atc agc aag gcc aag ggc cag ccc cgg gag ccc cag gtg tac acc ctg      1056  
 Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu  
  
    340                              345                              350  
 ccc ccc agc cgg gag gag atg acc aag aac cag gtg tcc ctc acc tgt      1104  
  
 Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys  
  
    355                              360                              365  
 ctg gtg aag ggc ttc tac ccc agc gac atc gcc gtg gag tgg gag agc      1152  
 Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser  
  
    370                              375                              380  
 aac ggc cag ccc gag aac aac tac aag acc acc ccc cct gtg ctg gac      1200  
 Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp  
  
  
  
 385                              390                              395                              400  
 agc gac ggc agc ttc ttc ctg tac agc aag ctc acc gtg gac aag agc      1248  
 Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser  
  
    405                              410                              415  
 cgg tgg cag cag ggc aac gtg ttc agc tgc agc gtg atg cac gag gcc      1296  
 Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala  
  
    420                              425                              430  
  
  
 ctg cac aac cac tac acc cag aag agc ctg agc ctg agc ccc ggc aag      1344  
 Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys  
  
    435                              440                              445  
  
 <210> 88  
 <211> 448  
 <212> PRT  
 <213> Homo sapiens  
 <400> 88  
 Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Pro Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala

1                    5                    10                    15  
 Ser Val Thr Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ser Phe Ser Ser Tyr  
                          20                    25                    30  
  
 Gly Ile Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met  
                          35                    40                    45  
 Gly Arg Ile Ile Pro Val Gly Gly Asn Thr Leu Tyr Ser Gln Met Phe  
                          50                    55                    60  
 Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Ser Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr  
 65                    70                    75                    80  
 Leu Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys  
                          85                    90                    95  
  
 Ala Arg Asp Gly Gly Arg Trp Gln Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr  
                          100                    105                    110  
 Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro  
                          115                    120                    125  
 Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly  
                          130                    135                    140  
 Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn  
 145                    150                    155                    160  
  
 Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln  
                          165                    170                    175  
 Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser  
                          180                    185                    190  
 Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser  
                          195                    200                    205  
 Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr  
                          210                    215                    220  
  
 His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser  
 225                    230                    235                    240  
 Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg  
                          245                    250                    255

Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro  
 260 265 270  
 Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala  
 275 280 285  
  
 Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val  
 290 295 300  
 Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr  
 305 310 315 320  
 Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr  
 325 330 335  
 Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu  
 340 345 350  
  
 Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys  
 355 360 365  
 Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser  
 370 375 380  
 Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp  
 385 390 395 400  
 Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser  
 405 410 415  
  
 Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala  
 420 425 430  
 Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys  
 435 440 445  
  
 <210> 89  
 <211> 1359  
 <212> DNA  
 <213> Homo sapiens  
 <220><221> CDS  
 <222> (1)..(1359)  
 <223>  
 <400> 89



gag gtg cag ctg gtg gag tct gga gca gag gtg aaa aag ccc ggg gag 48  
 Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Glu

1 5 10 15  
 tct ctg aag atc tcc tgt aag ggt tct gga tac agc ttt acc agc tac 96  
 Ser Leu Lys Ile Ser Cys Lys Gly Ser Gly Tyr Ser Phe Thr Ser Tyr

20 25 30  
 tgg atc ggc tgg gtg cgc cag atg ccc ggg aaa ggc ctg gag tgg atg 144  
 Trp Ile Gly Trp Val Arg Gln Met Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45  
 ggg atc atc tat cct ggt gac tct gat acc aga tac agc ccg tcc ttc 192  
 Gly Ile Ile Tyr Pro Gly Asp Ser Asp Thr Arg Tyr Ser Pro Ser Phe

50 55 60  
 caa ggc cag gtc acc atc tca gcc gac aag tcc atc agc acc gcc tac 240  
 Gln Gly Gln Val Thr Ile Ser Ala Asp Lys Ser Ile Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80  
 ctg cag tgg agc agc ctg aag gcc tgc gac acc gcc atg tat tac tgt 288

Leu Gln Trp Ser Ser Leu Lys Ala Ser Asp Thr Ala Met Tyr Tyr Cys  
 85 90 95  
 gcg aga cga tat tgt agt ggt ggt acc tgc tcc gat ggt ttt gat atc 336  
 Ala Arg Arg Tyr Cys Ser Gly Gly Thr Cys Ser Asp Gly Phe Asp Ile

100 105 110  
 tgg ggc caa ggg aca atg gtc acc gtc tgc agt gct agc acc aag ggc 384  
 Trp Gly Gln Gly Thr Met Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly

115 120 125  
 ccc agc gtg ttc ccc ctg gcc ccc agc agc aag agc acc agc ggc ggc 432  
 Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly

130 135 140  
 aca gcc gcc ctg ggc tgc ctg gtg aag gac tac ttc ccc gag ccc gtg 480  
 Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val

145	150	155	160	
acc gtg agc tgg aac agc ggc gcc ttg acc agc ggc gtg cac acc ttc				528
Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe				
	165	170	175	
ccc gcc gtg ctg cag agc agc ggc ctg tac agc ctg agc agc gtg gtg				576
Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val				
	180	185	190	
acc gtg ccc agc agc agc ctg ggc acc cag acc tac atc tgc aac gtg				624
Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val				
	195	200	205	
aac cac aag ccc agc aac acc aag gtg gac aaa cgc gtg gag ccc aag				672
Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Pro Lys				
	210	215	220	
agc tgc gac aag acc cac acc tgc ccc ccc tgc cct gcc ccc gag ctg				720
Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu				
225	230	235	240	
ctg ggc gga ccc tcc gtg ttc ctg ttc ccc ccc aag ccc aag gac acc				768
Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr				
	245	250	255	
ctc atg atc agc cgg acc ccc gag gtg acc tgc gtg gtg gtg gac gtg				816
Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val				
	260	265	270	
agc cac gag gac ccc gag gtg aag ttc aac tgg tac gtg gac ggc gtg				864
Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val				
	275	280	285	
gag gtg cac aac gcc aag acc aag ccc cgg gag gag cag tac aac agc				912
Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser				
	290	295	300	
acc tac cgg gtg gtg agc gtg ctc acc gtg ctg cac cag gac tgg ctg				960

Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu  
 305 310 315 320  
 aac ggc aag gag tac aag tgc aag gtg agc aac aag gcc ctg cct gcc 1008  
 Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala  
 325 330 335  
 ccc atc gag aag acc atc agc aag gcc aag ggc cag ccc cgg gag ccc 1056  
 Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro  
 340 345 350  
 cag gtg tac acc ctg ccc ccc agc cgg gag gag atg acc aag aac cag 1104  
 Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln  
 355 360 365  
 gtg tcc ctc acc tgt ctg gtg aag ggc ttc tac ccc agc gac atc gcc 1152  
 Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala  
 370 375 380  
 gtg gag tgg gag agc aac ggc cag ccc gag aac aac tac aag acc acc 1200  
 Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr  
 385 390 395 400  
 ccc cct gtg ctg gac agc gac ggc agc ttc ttc ctg tac agc aag ctc 1248  
 Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu  
 405 410 415  
 acc gtg gac aag agc cgg tgg cag cag ggc aac gtg ttc agc tgc agc 1296  
 Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser  
 420 425 430  
 gtg atg cac gag gcc ctg cac aac cac tac acc cag aag agc ctg agc 1344  
 Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser  
 435 440 445  
 ctg agc ccc ggc aag 1359  
 Leu Ser Pro Gly Lys

450

<210> 90

<211> 453

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 90

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Glu

1                    5                    10                    15

Ser Leu Lys Ile Ser Cys Lys Gly Ser Gly Tyr Ser Phe Thr Ser Tyr

                  20                    25                    30

Trp Ile Gly Trp Val Arg Gln Met Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Met

                  35                    40                    45

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

                  50                    55                    60

Gln Gly Gln Val Thr Ile Ser Ala Asp Lys Ser Ile Ser Thr Ala Tyr

65                    70                    75                    80

Leu Gln Trp Ser Ser Leu Lys Ala Ser Asp Thr Ala Met Tyr Tyr Cys

                  85                    90                    95

Ala Arg Arg Tyr Cys Ser Gly Gly Thr Cys Ser Asp Gly Phe Asp Ile

                  100                    105                    110

Trp Gly Gln Gly Thr Met Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly

                  115                    120                    125

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

                  130                    135                    140

Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val

145                    150                    155                    160

Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe

                  165                    170                    175

Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val

                  180                    185                    190

Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val

                  195                    200                    205

Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Pro Lys

                  210                    215                    220

Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu



<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220><221> CDS

<222> (1)..(1350)

<223>

<400> 91

cag gtc cag ctg gtg cag tct gga gca gag gtg aaa aag ccc ggg gag 48

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Glu

1 5 10 15

tct ctg aag atc tcc tgt aag ggt tct gga tac agc ttt acc agc tac 96

Ser Leu Lys Ile Ser Cys Lys Gly Ser Gly Tyr Ser Phe Thr Ser Tyr

20 25 30

tgg att ggc tgg gtg cgc cag atg ccc ggg aaa ggc ctg gag tgg atg 144

Trp Ile Gly Trp Val Arg Gln Met Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

ggg atc atc tat cct ggt gac tct gat acc aga tac agc ccg tcc ttc 192

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

50 55 60

caa ggc cag gtc acc atc tca gcc gac aag tcc atc ggc acc gcc tac 240

Gln Gly Gln Val Thr Ile Ser Ala Asp Lys Ser Ile Gly Thr Ala Tyr

65 70 75 80

ctg cag tgg agc agc ctg aag gcc tcg gac acc gcc atg tat tac tgt 288

Leu Gln Trp Ser Ser Leu Lys Ala Ser Asp Thr Ala Met Tyr Tyr Cys

85 90 95

gcg aga ctt ttt cgg gtt cgg gga ggc cac ttt gac tcc tgg ggc cag 336

Ala Arg Leu Phe Arg Val Arg Gly Gly His Phe Asp Ser Trp Gly Gln

100 105 110

gga acc ctg gtc acc gtc tcg agt gct agc acc aag ggc ccc agc gtg 384

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val

115 120 125

ttc ccc ctg gcc ccc agc agc aag agc acc agc ggc ggc aca gcc gcc 432

Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala  
 130 135 140  
 ctg ggc tgc ctg gtg aag gac tac ttc ccc gag ccc gtg acc gtg agc 480  
 Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser  
 145 150 155 160  
 tgg aac agc ggc gcc ttg acc agc ggc gtg cac acc ttc ccc gcc gtg 528

Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val  
 165 170 175  
 ctg cag agc agc ggc ctg tac agc ctg agc agc gtg gtg acc gtg ccc 576  
 Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro  
 180 185 190  
 agc agc agc ctg ggc acc cag acc tac atc tgc aac gtg aac cac aag 624  
 Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys  
 195 200 205  
 ccc agc aac acc aag gtg gac aaa cgc gtg gag ccc aag agc tgc gac 672  
 Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp  
 210 215 220  
 aag acc cac acc tgc ccc ccc tgc cct gcc ccc gag ctg ctg ggc gga 720  
 Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly  
 225 230 235 240  
 ccc tcc gtg ttc ctg ttc ccc ccc aag ccc aag gac acc ctc atg atc 768  
 Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile  
 245 250 255  
 agc cgg acc ccc gag gtg acc tgc gtg gtg gtg gac gtg agc cac gag 816  
 Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu  
 260 265 270  
 gac ccc gag gtg aag ttc aac tgg tac gtg gac ggc gtg gag gtg cac 864

Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His  
 275 280 285  
 aac gcc aag acc aag ccc cgg gag gag cag tac aac agc acc tac cgg 912  
 Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg

290	295	300	
gtg gtg agc gtg ctc acc gtg ctg cac cag gac tgg ctg aac ggc aag			960
Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys			
305	310	315	320
gag tac aag tgc aag gtg agc aac aag gcc ctg cct gcc ccc atc gag			1008
Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu			
	325	330	335
aag acc atc agc aag gcc aag ggc cag ccc cgg gag ccc cag gtg tac			1056
Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr			
	340	345	350
acc ctg ccc ccc agc cgg gag gag atg acc aag aac cag gtg tcc etc			1104
Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu			
	355	360	365
acc tgt ctg gtg aag ggc ttc tac ccc agc gac atc gcc gtg gag tgg			1152
Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp			
	370	375	380
gag agc aac ggc cag ccc gag aac aac tac aag acc acc ccc cct gtg			1200
Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val			
385	390	395	400
ctg gac agc gac ggc agc ttc ttc ctg tac agc aag ctc acc gtg gac			1248
Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp			
	405	410	415
aag agc cgg tgg cag cag ggc aac gtg ttc agc tgc agc gtg atg cac			1296
Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His			
	420	425	430
gag gcc ctg cac aac cac tac acc cag aag agc ctg agc ctg agc ccc			1344
Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro			
	435	440	445
ggc aag			1350
Gly Lys			



450

<210> 92

<211> 450

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 92

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Glu

1                    5                    10                    15

Ser Leu Lys Ile Ser Cys Lys Gly Ser Gly Tyr Ser Phe Thr Ser Tyr

20                    25                    30

Trp Ile Gly Trp Val Arg Gln Met Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Met

35                    40                    45

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

50                    55                    60

Gln Gly Gln Val Thr Ile Ser Ala Asp Lys Ser Ile Gly Thr Ala Tyr

65                    70                    75                    80

Leu Gln Trp Ser Ser Leu Lys Ala Ser Asp Thr Ala Met Tyr Tyr Cys

85                    90                    95

Ala Arg Leu Phe Arg Val Arg Gly Gly His Phe Asp Ser Trp Gly Gln

100                    105                    110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val

115                    120                    125

Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala

130                    135                    140

Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser

145                    150                    155                    160

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

165                    170                    175

Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro

180                    185                    190

Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys



Gly Lys  
 450  
 <210> 93  
 <211> 1356  
 <212> DNA  
 <213> Homo sapiens  
 <220><221> CDS  
 <222> (1)..(1356)  
 <223>  
 <400> 93  
 gag gtg cag ctg gtg gag tct ggg gga ggc gtg gtc cag cct ggg agg 48  
 Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg  
 1 5 10 15  
 tcc ctg aga ctc tcc tgt gca gcg tct gga ttc acc ttc agt agc tat 96  
 Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr  
 20 25 30  
 ggc atg cac tgg gtc cgc cag gct cca ggc aag ggg ctg gag tgg gtg 144  
 Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
 35 40 45  
 gcg atg atc tgg tct gat gga agt aat aaa tac tat gca gac tcc gtg 192  
 Ala Met Ile Trp Ser Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
 50 55 60  
 aag ggc cga ttc acc atc tcc aga gac aat tcc aag aac acg ctg tat 240  
 Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr  
 65 70 75 80  
 ctg caa atg aac agc ctg aga gtc gag gac acg gct gtg tat tac tgt 288  
 Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Val Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys  
 85 90 95  
 gcg agc aac tat ggt tcg ggg agt tat tgg ggg gga ttt gac tac tgg 336  
 Ala Ser Asn Tyr Gly Ser Gly Ser Tyr Trp Gly Gly Phe Asp Tyr Trp  
 100 105 110  
 ggc cag gga acc ctg gtc acc gtc tcg agt gct agc acc aag ggc ccc 384

Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro  
 115 120 125  
 agc gtg ttc ccc ctg gcc ccc agc agc aag agc acc agc ggc ggc aca 432  
 Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr  
 130 135 140  
 gcc gcc ctg ggc tgc ctg gtg aag gac tac ttc ccc gag ccc gtg acc 480  
 Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr  
 145 150 155 160  
 gtg agc tgg aac agc ggc gcc ttg acc agc ggc gtg cac acc ttc ccc 528  
 Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro  
 165 170 175  
 gcc gtg ctg cag agc agc ggc ctg tac agc ctg agc agc gtg gtg acc 576  
 Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr  
 180 185 190  
 gtg ccc agc agc agc ctg ggc acc cag acc tac atc tgc aac gtg aac 624  
 Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn  
 195 200 205  
 cac aag ccc agc aac acc aag gtg gac aaa cgc gtg gag ccc aag agc 672  
 His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Pro Lys Ser  
 210 215 220  
 tgc gac aag acc cac acc tgc ccc ccc tgc cct gcc ccc gag ctg ctg 720  
 Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu  
 225 230 235 240  
 ggc gga ccc tcc gtg ttc ctg ttc ccc ccc aag ccc aag gac acc ctc 768  
 Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu  
 245 250 255  
 atg atc agc cgg acc ccc gag gtg acc tgc gtg gtg gtg gac gtg agc 816  
 Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser  
 260 265 270  
 cac gag gac ccc gag gtg aag ttc aac tgg tac gtg gac ggc gtg gag 864  
 His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu

275	280	285	
gtg cac aac gcc aag acc aag ccc cgg gag gag cag tac aac agc acc			912
Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr			
290	295	300	
tac cgg gtg gtg agc gtg ctc acc gtg ctg cac cag gac tgg ctg aac			960
Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn			
305	310	315	320
ggc aag gag tac aag tgc aag gtg agc aac aag gcc ctg cct gcc ccc			1008
Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro			
325	330	335	
atc gag aag acc atc agc aag gcc aag ggc cag ccc cgg gag ccc cag			1056
Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln			
340	345	350	
gtg tac acc ctg ccc ccc agc cgg gag gag atg acc aag aac cag gtg			1104
Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val			
355	360	365	
tcc ctc acc tgt ctg gtg aag ggc ttc tac ccc agc gac atc gcc gtg			1152
Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val			
370	375	380	
gag tgg gag agc aac ggc cag ccc gag aac aac tac aag acc acc ccc			1200
Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro			
385	390	395	400
cct gtg ctg gac agc gac ggc agc ttc ttc ctg tac agc aag ctc acc			1248
Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr			
405	410	415	
gtg gac aag agc cgg tgg cag cag ggc aac gtg ttc agc tgc agc gtg			1296
Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val			
420	425	430	
atg cac gag gcc ctg cac aac cac tac acc cag aag agc ctg agc ctg			1344

Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu  
 435 440 445  
 agc ccc ggc aag 1356  
 Ser Pro Gly Lys  
 450  
 <210> 94  
 <211> 452  
 <212> PRT  
 <213> Homo sapiens  
 <400> 94  
 Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg  
  
 1 5 10 15  
 Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr  
 20 25 30  
 Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
 35 40 45  
 Ala Met Ile Trp Ser Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
 50 55 60  
 Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr  
  
 65 70 75 80  
 Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Val Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys  
 85 90 95  
 Ala Ser Asn Tyr Gly Ser Gly Ser Tyr Trp Gly Gly Phe Asp Tyr Trp  
 100 105 110  
 Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro  
 115 120 125  
 Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr  
  
 130 135 140  
 Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr  
 145 150 155 160  
 Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro  
 165 170 175

Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr  
 180 185 190

Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn  
 195 200 205

His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Pro Lys Ser  
 210 215 220

Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu  
 225 230 235 240

Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu  
 245 250 255

Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser  
 260 265 270

His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu  
 275 280 285

Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr  
 290 295 300

Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn  
 305 310 315 320

Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro  
 325 330 335

Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln  
 340 345 350

Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val  
 355 360 365

Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val  
 370 375 380

Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro  
 385 390 395 400

Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr  
 405 410 415

Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val

420                                      425                                      430  
 Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu  
 435                                      440                                      445  
 Ser Pro Gly Lys  
 450  
 <210> 95  
  
 <211> 1347  
 <212> DNA  
 <213> Homo sapiens  
 <220><221> CDS  
 <222> (1)..(1347)  
 <223>  
 <400> 95  
 gag gtg cag ctg gtg gag tct ggg gct gag gtg aag aag cct ggg tcc                      48  
 Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ser  
 1                                      5                                      10                                      15  
 tcg gtg aag gtc tcc tgc aag gct tct gga ggc acc ttc agc agc tat                      96  
 Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Gly Thr Phe Ser Ser Tyr  
 20                                      25                                      30  
  
 gct att agc tgg gtg cga cag gcc cct gga caa ggg ctt gag tgg atg                      144  
 Ala Ile Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met  
 35                                      40                                      45  
 gga ggg atc atc cct atc ttt ggt aca gca aac tac gca cag aag ttc                      192  
 Gly Gly Ile Ile Pro Ile Phe Gly Thr Ala Asn Tyr Ala Gln Lys Phe  
 50                                      55                                      60  
 cag ggc aaa gtc acg att acc gcg gac gaa tcc acg agc aca gcc tac                      240  
  
 Gln Gly Lys Val Thr Ile Thr Ala Asp Glu Ser Thr Ser Thr Ala Tyr  
 65                                      70                                      75                                      80  
 atg gag ctg agc agc ctg aga tct gag gac acg gcc gtg tat tac tgt                      288  
 Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys  
 85                                      90                                      95  
 gcg aga ctc agc ccg cgc tac tac ggt atg gac gtc tgg ggc caa ggg                      336



Ala Arg Leu Ser Pro Arg Tyr Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly

100 105 110

acc acg gtc acc gtc tcg agt gct agc acc aag ggc ccc agc gtg ttc 384

Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe

115 120 125

ccc ctg gcc ccc agc agc aag agc acc agc ggc ggc aca gcc gcc ctg 432

Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu

130 135 140

ggc tgc ctg gtg aag gac tac ttc ccc gag ccc gtg acc gtg agc tgg 480

Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp

145 150 155 160

aac agc ggc gcc ttg acc agc ggc gtg cac acc ttc ccc gcc gtg ctg 528

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

165 170 175

cag agc agc ggc ctg tac agc ctg agc agc gtg gtg acc gtg ccc agc 576

Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser

180 185 190

agc agc ctg ggc acc cag acc tac atc tgc aac gtg aac cac aag ccc 624

Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro

195 200 205

agc aac acc aag gtg gac aaa cgc gtg gag ccc aag agc tgc gac aag 672

Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys

210 215 220

acc cac acc tgc ccc ccc tgc cct gcc ccc gag ctg ctg ggc gga ccc 720

Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro

225 230 235 240

tcc gtg ttc ctg ttc ccc ccc aag ccc aag gac acc ctc atg atc agc 768

Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser

245 250 255

cgg acc ccc gag gtg acc tgc gtg gtg gtg gac gtg agc cac gag gac 816  
 Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp  
                   260                  265                  270  
 ccc gag gtg aag ttc aac tgg tac gtg gac ggc gtg gag gtg cac aac 864  
 Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn  
                   275                  280                  285  
 gcc aag acc aag ccc cgg gag gag cag tac aac agc acc tac cgg gtg 912  
  
 Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val  
                   290                  295                  300  
 gtg agc gtg ctc acc gtg ctg cac cag gac tgg ctg aac ggc aag gag 960  
 Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu  
 305                  310                  315                  320  
 tac aag tgc aag gtg agc aac aag gcc ctg cct gcc ccc atc gag aag 1008  
 Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys  
                   325                  330                  335  
 acc atc agc aag gcc aag ggc cag ccc cgg gag ccc cag gtg tac acc 1056  
 Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr  
                   340                  345                  350  
 ctg ccc ccc agc cgg gag gag atg acc aag aac cag gtg tcc ctc acc 1104  
 Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr  
                   355                  360                  365  
  
 tgt ctg gtg aag ggc ttc tac ccc agc gac atc gcc gtg gag tgg gag 1152  
 Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu  
                   370                  375                  380  
 agc aac ggc cag ccc gag aac aac tac aag acc acc ccc cct gtg ctg 1200  
 Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu  
 385                  390                  395                  400  
 gac agc gac ggc agc ttc ttc ctg tac agc aag ctc acc gtg gac aag 1248  
  
 Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys  
                   405                  410                  415  
 agc cgg tgg cag cag ggc aac gtg ttc agc tgc agc gtg atg cac gag 1296

Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu  
 420 425 430  
 gcc ctg cac aac cac tac acc cag aag agc ctg agc ctg agc ccc ggc 1344  
 Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly  
 435 440 445  
 aag 1347  
 Lys  
  
 <210> 96  
 <211> 449  
 <212> PRT  
 <213> Homo sapiens  
 <400> 96  
 Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ser  
 1 5 10 15  
 Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Gly Thr Phe Ser Ser Tyr  
 20 25 30  
 Ala Ile Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met  
 35 40 45  
 Gly Gly Ile Ile Pro Ile Phe Gly Thr Ala Asn Tyr Ala Gln Lys Phe  
 50 55 60  
 Gln Gly Lys Val Thr Ile Thr Ala Asp Glu Ser Thr Ser Thr Ala Tyr  
 65 70 75 80  
 Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys  
 85 90 95  
 Ala Arg Leu Ser Pro Arg Tyr Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly  
 100 105 110  
 Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe  
 115 120 125  
 Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu  
 130 135 140

Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp  
 145                      150                      155                      160  
 Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu  
                                  165                      170                      175  
 Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser  
                                  180                      185                      190  
 Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro  
                                  195                      200                      205  
 Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys  
  
 210                      215                      220  
 Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro  
 225                      230                      235                      240  
 Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser  
                                  245                      250                      255  
 Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp  
                                  260                      265                      270  
 Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn  
  
 275                      280                      285  
 Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val  
                                  290                      295                      300  
 Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu  
 305                      310                      315                      320  
 Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys  
                                  325                      330                      335  
 Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr  
  
 340                      345                      350  
 Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr  
                                  355                      360                      365  
 Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu  
                                  370                      375                      380  
 Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu

385                    390                    395                    400  
 Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys

                  405                    410                    415  
 Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu

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

                  435                    440                    445  
 Lys

<210> 97

<211> 1344

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220><221> CDS

<222> (1)..(1344)

<223>

<400> 97

gag gtg cag ctg gtg gag tct ggg gga ggc ttg gtc cag cct ggg agg            48

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg  
 1                    5                    10                    15

tcc ctg aga ctc tcc tgt gca gcc tct gga ttc acc ttc aga agc tat            96

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Arg Ser Tyr  
                   20                    25                    30

gct atg tac tgg gtc cgc cag gct cca ggc aag ggg cta gag tgg ctg            144

Ala Met Tyr Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Leu

                  35                    40                    45  
 gca ctt ata tca cac gat gca agt aaa atg ttc tac gca gac tcc gtg            192

Ala Leu Ile Ser His Asp Ala Ser Lys Met Phe Tyr Ala Asp Ser Val

                  50                    55                    60  
 aag ggc cga ttc acc atc tcc aga gac aat tcc aag aac acc ttg tct            240

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Ser

65	70	75	80	
cta caa atg aac agc ctg aca att gag gac acg gct gtg tat tat tgt				288
Leu Gln Met Asn Ser Leu Thr Ile Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys				
	85	90	95	
gtg aga gag cgg act ggt tat tac ggg gct tac tgg ggc cag gga acc				336
Val Arg Glu Arg Thr Gly Tyr Tyr Gly Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr				
	100	105	110	
ctg gtc acc gtc tcg agt gct agc acc aag ggc ccc agc gtg ttc ccc				384
Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro				
	115	120	125	
ctg gcc ccc agc agc aag agc acc agc ggc ggc aca gcc gcc ctg ggc				432
Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly				
	130	135	140	
tgc ctg gtg aag gac tac ttc ccc gag ccc gtg acc gtg agc tgg aac				480
Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn				
145	150	155	160	
agc ggc gcc ttg acc agc ggc gtg cac acc ttc ccc gcc gtg ctg cag				528
Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln				
	165	170	175	
agc agc ggc ctg tac agc ctg agc agc gtg gtg acc gtg ccc agc agc				576
Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser				
	180	185	190	
agc ctg ggc acc cag acc tac atc tgc aac gtg aac cac aag ccc agc				624
Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser				
	195	200	205	
aac acc aag gtg gac aaa cgc gtg gag ccc aag agc tgc gac aag acc				672
Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr				
	210	215	220	
cac acc tgc ccc ccc tgc cct gcc ccc gag ctg ctg ggc gga ccc tcc				720

His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser  
 225                    230                    235                    240  
 gtg ttc ctg ttc ccc ccc aag ccc aag gac acc ctc atg atc agc cgg        768  
 Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg  
                      245                    250                    255  
 acc ccc gag gtg acc tgc gtg gtg gtg gac gtg agc cac gag gac ccc        816  
 Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro  
                      260                    265                    270  
 gag gtg aag ttc aac tgg tac gtg gac ggc gtg gag gtg cac aac gcc        864  
 Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala  
                      275                    280                    285  
 aag acc aag ccc cgg gag gag cag tac aac agc acc tac cgg gtg gtg        912  
 Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val  
                      290                    295                    300  
  
 agc gtg ctc acc gtg ctg cac cag gac tgg ctg aac ggc aag gag tac        960  
 Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr  
 305                    310                    315                    320  
 aag tgc aag gtg agc aac aag gcc ctg cct gcc ccc atc gag aag acc        1008  
 Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr  
                      325                    330                    335  
 atc agc aag gcc aag ggc cag ccc cgg gag ccc cag gtg tac acc ctg        1056  
  
 Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu  
                      340                    345                    350  
 ccc ccc agc cgg gag gag atg acc aag aac cag gtg tcc ctc acc tgt        1104  
 Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys  
                      355                    360                    365  
 ctg gtg aag ggc ttc tac ccc agc gac atc gcc gtg gag tgg gag agc        1152  
 Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser  
  
                      370                    375                    380  
 aac ggc cag ccc gag aac aac tac aag acc acc ccc cct gtg ctg gac        1200  
 Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp

385                    390                    395                    400  
 agc gac ggc agc ttc ttc ctg tac agc aag ctc acc gtg gac aag agc      1248  
 Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser  
                          405                    410                    415  
  
 cgg tgg cag cag ggc aac gtg ttc agc tgc agc gtg atg cac gag gcc      1296  
 Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala  
                          420                    425                    430  
 ctg cac aac cac tac acc cag aag agc ctg agc ctg agc ccc ggc aag      1344  
 Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys  
                          435                    440                    445  
 <210> 98  
 <211> 448  
 <212> PRT  
 <213> Homo sapiens  
 <400  
 > 98  
 Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg  
 1                    5                    10                    15  
 Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Arg Ser Tyr  
                          20                    25                    30  
 Ala Met Tyr Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Leu  
                          35                    40                    45  
 Ala Leu Ile Ser His Asp Ala Ser Lys Met Phe Tyr Ala Asp Ser Val  
                          50                    55                    60  
  
 Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Ser  
 65                    70                    75                    80  
 Leu Gln Met Asn Ser Leu Thr Ile Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys  
                          85                    90                    95  
 Val Arg Glu Arg Thr Gly Tyr Tyr Gly Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr  
                          100                    105                    110  
 Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro  
                          115                    120                    125



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





ttc ccc ccc aag ccc aag gac acc ctc atg atc agc cgg acc ccc gag 768  
 Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu  
                   245                  250                  255

gtg acc tgc gtg gtg gtg gac gtg agc cac gag gac ccc gag gtg aag 816  
 Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys  
                   260                  265                  270

ttc aac tgg tac gtg gac ggc gtg gag gtg cac aac gcc aag acc aag 864  
 Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys  
                   275                  280                  285

ccc cgg gag gag cag tac aac agc acc tac cgg gtg gtg agc gtg ctc 912  
  
 Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu  
                   290                  295                  300

acc gtg ctg cac cag gac tgg ctg aac ggc aag gag tac aag tgc aag 960  
 Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys  
 305                  310                  315                  320

gtg agc aac aag gcc ctg cct gcc ccc atc gag aag acc atc agc aag 1008  
 Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys  
  
                   325                  330                  335

gcc aag ggc cag ccc cgg gag ccc cag gtg tac acc ctg ccc ccc agc 1056  
 Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser  
                   340                  345                  350

cgg gag gag atg acc aag aac cag gtg tcc ctc acc tgt ctg gtg aag 1104  
 Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys  
                   355                  360                  365

ggc ttc tac ccc agc gac atc gcc gtg gag tgg gag agc aac ggc cag 1152  
 Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln  
                   370                  375                  380

ccc gag aac aac tac aag acc acc ccc cct gtg ctg gac agc gac ggc 1200  
 Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly  
 385                  390                  395                  400

agc ttc ttc ctg tac agc aag ctc acc gtg gac aag agc cgg tgg cag 1248

Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln

405 410 415

cag ggc aac gtg ttc agc tgc agc gtg atg cac gag gcc ctg cac aac 1296

Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn

420 425 430

cac tac acc cag aag agc ctg agc ctg agc ccc ggc aag 1335

His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys

435 440 445

<210> 100

<211> 445

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 100

Glu Val Gln Leu Val Glu Thr Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Leu Thr Phe Ser Ser Tyr

20 25 30

Ala Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ser Ala Leu Ser Gly Ser Thr Thr Phe Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly

50 55 60

Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr Leu Gln

65 70 75 80

Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Arg

85 90 95

Gly Asn Tyr Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr

100 105 110

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

115 120 125

Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val

130	135	140	
Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala			
145	150	155	160
Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly			
	165	170	175
Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly			
	180	185	190
Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys			
	195	200	205
Val Asp Lys Arg Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys			
	210	215	220
Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu			
225	230	235	240
Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu			
	245	250	255
Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys			
	260	265	270
Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys			
	275	280	285
Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu			
	290	295	300
Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys			
305	310	315	320
Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys			
	325	330	335
Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser			
	340	345	350
Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys			
	355	360	365
Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln			
	370	375	380

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

His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys  
                                  435                      440                      445

<210> 101  
 <211> 660  
 <212> DNA  
 <213> Homo sapiens  
 <220><221> CDS  
 <222> (1)..(660)  
 <223>  
 <400> 101

tcc tat gtg ctg act cag cca ccc tca gcg tct ggg acc ccc ggg cag            48  
 Ser Tyr Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Ser Gly Thr Pro Gly Gln  
 1                      5                      10                      15  
 agg gtc acc atc tct tgt tct gga agc agc tcc aac atc gga agt aat            96

Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Ser Asn  
                                  20                      25                      30  
 aat gta agc tgg tac cag cag ctc cca gga acg gcc ccc aaa ctc ctc            144  
 Asn Val Ser Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu  
                                  35                      40                      45  
 atc tat agt aat aat cag cgg ccc tca ggg gtc cct gac cga ttc tct            192  
 Ile Tyr Ser Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser

50                      55                      60  
 ggc tcc aag tct ggc acc tca gcc tcc ctg gcc atc agt ggg ctc cag            240  
 Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln  
 65                      70                      75                      80  
 tct gag gat gag gct gat tat tac tgt gca gca tgg gat gac agc ctg            288

Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Ala Trp Asp Asp Ser Leu  
85 90 95

aat ggt tgg gtg ttc ggc gga ggg acc aag ctg acc gtc cta ggt gcg 336  
Asn Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Ala  
100 105 110

gcc gca ggc cag ccc aag gcc gct ccc agc gtg acc ctg ttc ccc ccc 384  
Ala Ala Gly Gln Pro Lys Ala Ala Pro Ser Val Thr Leu Phe Pro Pro  
115 120 125

tcc tcc gag gag ctg cag gcc aac aag gcc acc ctg gtg tgc ctc atc 432

Ser Ser Glu Glu Leu Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ile  
130 135 140

agc gac ttc tac cct ggc gcc gtg acc gtg gcc tgg aag gcc gac agc 480  
Ser Asp Phe Tyr Pro Gly Ala Val Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp Ser  
145 150 155 160

agc ccc gtg aag gcc ggc gtg gag acc acc acc ccc agc aag cag agc 528  
Ser Pro Val Lys Ala Gly Val Glu Thr Thr Thr Pro Ser Lys Gln Ser  
165 170 175

aac aac aag tac gcc gcc agc agc tac ctg agc ctc acc ccc gag cag 576  
Asn Asn Lys Tyr Ala Ala Ser Ser Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu Gln  
180 185 190

tgg aag agc cac cgg agc tac agc tgc cag gtg acc cac gag ggc agc 624  
Trp Lys Ser His Arg Ser Tyr Ser Cys Gln Val Thr His Glu Gly Ser  
195 200 205

acc gtg gag aag acc gtg gcc ccc acc gag tgc agc 660  
Thr Val Glu Lys Thr Val Ala Pro Thr Glu Cys Ser  
210 215 220

<210> 102  
<211> 220  
<212> PRT  
<213> Homo sapiens  
<400> 102



Ser Tyr Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Ser Gly Thr Pro Gly Gln  
 1                    5                    10                    15  
 Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Ser Asn  
                   20                    25                    30  
  
 Asn Val Ser Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu  
                   35                    40                    45  
 Ile Tyr Ser Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser  
                   50                    55                    60  
 Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln  
 65                    70                    75                    80  
 Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Ala Trp Asp Asp Ser Leu  
                   85                    90                    95  
  
 Asn Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Ala  
                   100                    105                    110  
 Ala Ala Gly Gln Pro Lys Ala Ala Pro Ser Val Thr Leu Phe Pro Pro  
                   115                    120                    125  
 Ser Ser Glu Glu Leu Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ile  
                   130                    135                    140  
 Ser Asp Phe Tyr Pro Gly Ala Val Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp Ser  
 145                    150                    155                    160  
  
 Ser Pro Val Lys Ala Gly Val Glu Thr Thr Thr Pro Ser Lys Gln Ser  
                   165                    170                    175  
 Asn Asn Lys Tyr Ala Ala Ser Ser Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu Gln  
                   180                    185                    190  
 Trp Lys Ser His Arg Ser Tyr Ser Cys Gln Val Thr His Glu Gly Ser  
                   195                    200                    205  
 Thr Val Glu Lys Thr Val Ala Pro Thr Glu Cys Ser  
                   210                    215                    220  
 <210> 103  
 <  
 211> 660  
 <212> DNA

<213> Homo sapiens

<220><221> CDS

<222> (1)..(660)

<223>

<400> 103

aat ttt atg ctg act cag ccc cac tct gtg tcg gag tct ccg ggg aag 48

Asn Phe Met Leu Thr Gln Pro His Ser Val Ser Glu Ser Pro Gly Lys

1 5 10 15

acg gta acc atc tcc tgc acc cgc agc agt ggc agc att gcc agc tac 96

Thr Val Thr Ile Ser Cys Thr Arg Ser Ser Gly Ser Ile Ala Ser Tyr

20 25 30

tat gtg cag tgg tac cag cag cgc ccg ggc agt tcc ccc acc act gtg 144

Tyr Val Gln Trp Tyr Gln Gln Arg Pro Gly Ser Ser Pro Thr Thr Val

35 40 45

atc tat gag gat aac caa aga ccc tct ggg gtc cct gat cgg ttc tct 192

Ile Tyr Glu Asp Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser

50 55 60

ggc tcc atc gac agc tcc tcc aac tct gcc tcc ctc acc atc tct gga 240

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

65 70 75 80

ctg aag act gag gac gag gct gac tac tac tgt cag tct tat gat agc 288

Leu Lys Thr Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ser Tyr Asp Ser

85 90 95

agc aat cag gtg ttc ggc gga ggg acc aag ctg acc gtc cta ggt gcg 336

Ser Asn Gln Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Ala

100 105 110

gcc gca ggc cag ccc aag gcc gct ccc agc gtg acc ctg ttc ccc ccc 384

Ala Ala Gly Gln Pro Lys Ala Ala Pro Ser Val Thr Leu Phe Pro Pro

115 120 125

tcc tcc gag gag ctg cag gcc aac aag gcc acc ctg gtg tgc ctc atc 432

Ser Ser Glu Glu Leu Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ile



Leu Lys Thr Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ser Tyr Asp Ser  
 85 90 95

Ser Asn Gln Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Ala  
 100 105 110

Ala Ala Gly Gln Pro Lys Ala Ala Pro Ser Val Thr Leu Phe Pro Pro  
 115 120 125

Ser Ser Glu Glu Leu Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ile  
 130 135 140

Ser Asp Phe Tyr Pro Gly Ala Val Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp Ser  
 145 150 155 160

Ser Pro Val Lys Ala Gly Val Glu Thr Thr Thr Pro Ser Lys Gln Ser  
 165 170 175

Asn Asn Lys Tyr Ala Ala Ser Ser Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu Gln  
 180 185 190

Trp Lys Ser His Arg Ser Tyr Ser Cys Gln Val Thr His Glu Gly Ser  
 195 200 205

Thr Val Glu Lys Thr Val Ala Pro Thr Glu Cys Ser  
 210 215 220

<210> 105

<211> 657

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220><221> CDS

<222> (1)..(657)

<223>

<400> 105

cag act gtg gtg act cag gag ccc tca ctg act gtg tcc cca gga ggg 48

Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly  
 1 5 10 15

aca gtc act ctc acc tgt gct tcc agc act gga gca gtc acc agt ggt 96

Thr Val Thr Leu Thr Cys Ala Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly  
 20 25 30

tac tat cca aac tgg ttc cag cag aaa cct gga caa gca ccc agg gca 144  
Tyr Tyr Pro Asn Trp Phe Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Ala

35 40 45

ctg att tat agt aca agc aag aaa cac tcc tgg acc cct gcc cgg ttc 192  
Leu Ile Tyr Ser Thr Ser Lys Lys His Ser Trp Thr Pro Ala Arg Phe

50 55 60

tca ggc tcc ctc ctt ggg ggc aga gct gcc ctg acc ctt tcg ggt gcg 240  
Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Arg Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Ala

65 70 75 80

cag cct gag gat gag gct gac tat tac tgc ttg ctc tcc tat ggt ggt 288  
Gln Pro Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Leu Leu Ser Tyr Gly Gly

85 90 95

gct cgg gtg ttc ggc ggg ggg acc aag ctg acc gtc cta ggt gcg gcc 336  
Ala Arg Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Ala Ala

100 105 110

gca ggc cag ccc aag gcc gct ccc agc gtg acc ctg ttc ccc ccc tcc 384

Ala Gly Gln Pro Lys Ala Ala Pro Ser Val Thr Leu Phe Pro Pro Ser  
115 120 125

tcc gag gag ctg cag gcc aac aag gcc acc ctg gtg tgc ctc atc agc 432  
Ser Glu Glu Leu Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ile Ser

130 135 140

gac ttc tac cct ggc gcc gtg acc gtg gcc tgg aag gcc gac agc agc 480  
Asp Phe Tyr Pro Gly Ala Val Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp Ser Ser

145 150 155 160

ccc gtg aag gcc ggc gtg gag acc acc acc ccc agc aag cag agc aac 528  
Pro Val Lys Ala Gly Val Glu Thr Thr Thr Pro Ser Lys Gln Ser Asn

165 170 175

aac aag tac gcc gcc agc agc tac ctg agc ctc acc ccc gag cag tgg 576  
Asn Lys Tyr Ala Ala Ser Ser Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu Gln Trp



145                    150                    155                    160  
 Pro Val Lys Ala Gly Val Glu Thr Thr Thr Pro Ser Lys Gln Ser Asn  
                                  165                    170                    175  
 Asn Lys Tyr Ala Ala Ser Ser Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu Gln Trp  
                                  180                    185                    190

Lys Ser His Arg Ser Tyr Ser Cys Gln Val Thr His Glu Gly Ser Thr  
                                  195                    200                    205  
 Val Glu Lys Thr Val Ala Pro Thr Glu Cys Ser  
                                  210                    215

<210> 107

<211> 639

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220><221> CDS

<222> (1)..(639)

<223>

<400> 107

gac atc cag ttg acc cag tct cca tct tcc gtg tct gca tct gta gga            48  
 Asp Ile Gln Leu Thr Gln Ser Pro Ser Ser Val Ser Ala Ser Val Gly  
 1                    5                    10                    15

gac aga gtc acc atc act tgt cgg gcg agt cag ggt att agc aac tgg            96  
 Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Trp  
                                  20                    25                    30

tta gcc tgg tat cag cag aaa cca ggg aaa gcc cct gaa ctc ctg att            144  
 Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Glu Leu Leu Ile  
                                  35                    40                    45

tat gct gca tca agt tta cag agt ggg gtc cca cca cgg ttc agc ggc            192

Tyr Ala Ala Ser Ser Leu Gln Ser Gly Val Pro Pro Arg Phe Ser Gly  
                                  50                    55                    60  
 agt gcg tcc ggg aca gat ttc act ctc acc atc agc agc ctg cag cct            240  
 Ser Ala Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro  
 65                    70                    75                    80

gaa gat ttt gca act tat tat tgt caa cag tct aag aat ttc cct tac 288  
 Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Lys Asn Phe Pro Tyr

85 90 95

act ttt ggc cag ggg acc aag gtg gag atc aaa cgt gcg gcc gca ccc 336  
 Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg Ala Ala Ala Pro

100 105 110

agc gtg ttc atc ttc ccc ccc tcc gac gag cag ctg aag agc ggc acc 384  
 Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr

115 120 125

gcc agc gtg gtg tgc ctg ctg aac aac ttc tac ccc cgg gag gcc aag 432  
 Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys

130 135 140

gtg cag tgg aag gtg gac aac gcc ctg cag agc ggc aac agc cag gag 480  
 Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu

145 150 155 160

agc gtg acc gag cag gac agc aag gac tcc acc tac agc ctg agc agc 528

Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser

165 170 175

acc ctc acc ctg agc aag gcc gac tac gag aag cac aag gtg tac gcc 576  
 Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala

180 185 190

tgc gag gtg acc cac cag ggc ctg agc agc ccc gtg acc aag agc ttc 624  
 Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe

195 200 205

aac cgg ggc gag tgt 639  
 Asn Arg Gly Glu Cys

210

<210> 108  
 <211> 213  
 <212> PRT  
 <213> Homo sapiens



<400> 108

Asp Ile Gln Leu Thr Gln Ser Pro Ser Ser Val Ser Ala Ser Val Gly  
 1                   5                   10                   15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Trp

                  20                   25                   30

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Glu Leu Leu Ile  
                   35                   40                   45

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

Ser Ala Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro  
 65                   70                   75                   80

Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Lys Asn Phe Pro Tyr

                  85                   90                   95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg Ala Ala Ala Pro  
                   100                   105                   110

Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr  
                   115                   120                   125

Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys  
                   130                   135                   140

Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu

145                   150                   155                   160

Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser  
                   165                   170                   175

Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala  
                   180                   185                   190

Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe  
                   195                   200                   205

Asn Arg Gly Glu Cys  
                   210

<210

> 109

<211> 660

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220><221> CDS

<222> (1)..(660)

<223>

<400> 109

cag tct gcc ctg act cag cct ccc tcc gcg tcc ggg tct cct gga cag 48

Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Ser Gly Ser Pro Gly Gln

1 5 10 15

tca gtc acc atc tcc tgc act gga acc agc agt gac gtt ggt ggt tat 96

Ser Val Thr Ile Ser Cys Thr Gly Thr Ser Ser Asp Val Gly Gly Tyr

20 25 30

aac tat gtc tcc tgg tac caa cag cac cca ggc aaa gcc ccc aaa ctc 144

Asn Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln His Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu

35 40 45

atg att tat gag gtc agt aag cgg ccc tca ggg gtc cct gat cgc ttc 192

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

50 55 60

tct ggc tcc aag tct ggc aac acg gcc tcc ctg acc gtc tct ggg ctc 240

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

65 70 75 80

cag gct gag gat gag gct gat tat tac tgc agc tca tat gca ggc agc 288

Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ser Ser Tyr Ala Gly Ser

85 90 95

aac aat ttg gta ttc ggc gga ggg acc aag ctg acc gtc cta ggt gcg 336

Asn Asn Leu Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Ala

100 105 110

gcc gca ggc cag ccc aag gcc gct ccc agc gtg acc ctg ttc ccc ccc 384

Ala Ala Gly Gln Pro Lys Ala Ala Pro Ser Val Thr Leu Phe Pro Pro

115 120 125

tcc tcc gag gag ctg cag gcc aac aag gcc acc ctg gtg tgc ctc atc 432

Ser Ser Glu Glu Leu Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ile



Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ser Ser Tyr Ala Gly Ser  
 85 90 95

Asn Asn Leu Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Ala  
 100 105 110

Ala Ala Gly Gln Pro Lys Ala Ala Pro Ser Val Thr Leu Phe Pro Pro  
 115 120 125

Ser Ser Glu Glu Leu Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ile  
 130 135 140

Ser Asp Phe Tyr Pro Gly Ala Val Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp Ser  
 145 150 155 160

Ser Pro Val Lys Ala Gly Val Glu Thr Thr Thr Pro Ser Lys Gln Ser  
 165 170 175

Asn Asn Lys Tyr Ala Ala Ser Ser Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu Gln  
 180 185 190

Trp Lys Ser His Arg Ser Tyr Ser Cys Gln Val Thr His Glu Gly Ser  
 195 200 205

Thr Val Glu Lys Thr Val Ala Pro Thr Glu Cys Ser  
 210 215 220

<210> 111

<211> 660

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220><221> CDS

<222> (1)..(660)

<223>

<400> 111

cag tct gcc ctg act cag cct gcc tcc gtg tct ggg tct cct gga cag 48

Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Ala Ser Val Ser Gly Ser Pro Gly Gln  
 1 5 10 15

tcg atc acc atc tcc tgc act gga acc aac agt gac gtt ggt ggt tat 96

Ser Ile Thr Ile Ser Cys Thr Gly Thr Asn Ser Asp Val Gly Gly Tyr  
 20 25 30

aac tat gtc tcc tgg tac caa caa cac cca ggc aag gcc ccc aaa etc 144  
Asn Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln His Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu  
35 40 45  
ctg att tat gat gtc act aat cgg ccc tcg ggg gtt tct aat cgc ttc 192  
Leu Ile Tyr Asp Val Thr Asn Arg Pro Ser Gly Val Ser Asn Arg Phe  
50 55 60  
tct gcc tcc aag tct ggc aac acg gcc tcc ctg acc atc tct ggg ctc 240  
Ser Ala Ser Lys Ser Gly Asn Thr Ala Ser Leu Thr Ile Ser Gly Leu  
65 70 75 80  
cag gct gag gac gag gct gat tat tac tgc agc tca ttt aca agc agc 288  
Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ser Ser Phe Thr Ser Ser  
85 90 95  
agc act cgg gtg ttc ggc gga ggg acc aag ctg acc gtc cta ggt gcg 336  
Ser Thr Arg Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Ala  
100 105 110  
gcc gca ggc cag ccc aag gcc gct ccc agc gtg acc ctg ttc ccc ccc 384  
Ala Ala Gly Gln Pro Lys Ala Ala Pro Ser Val Thr Leu Phe Pro Pro  
115 120 125  
tcc tcc gag gag ctg cag gcc aac aag gcc acc ctg gtg tgc etc atc 432  
Ser Ser Glu Glu Leu Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ile  
130 135 140  
agc gac ttc tac cct ggc gcc gtg acc gtg gcc tgg aag gcc gac agc 480  
Ser Asp Phe Tyr Pro Gly Ala Val Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp Ser  
145 150 155 160  
agc ccc gtg aag gcc ggc gtg gag acc acc acc ccc agc aag cag agc 528  
Ser Pro Val Lys Ala Gly Val Glu Thr Thr Thr Pro Ser Lys Gln Ser  
165 170 175  
aac aac aag tac gcc gcc agc agc tac ctg agc ctc acc ccc gag cag 576  
Asn Asn Lys Tyr Ala Ala Ser Ser Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu Gln



145                    150                    155                    160  
 Ser Pro Val Lys Ala Gly Val Glu Thr Thr Thr Pro Ser Lys Gln Ser  
                                  165                    170                    175  
 Asn Asn Lys Tyr Ala Ala Ser Ser Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu Gln  
                                  180                    185                    190

Trp Lys Ser His Arg Ser Tyr Ser Cys Gln Val Thr His Glu Gly Ser  
                                  195                    200                    205  
 Thr Val Glu Lys Thr Val Ala Pro Thr Glu Cys Ser  
                                  210                    215                    220

<210> 113  
 <211> 660  
 <212> DNA  
 <213> Homo sapiens  
 <220><221> CDS  
 <222> (1)..(660)  
 <223>  
 <400> 113

cag tct gcc ctg act cag cct gcc tcc gtg tct ggg tct cct gga cag            48  
 Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Ala Ser Val Ser Gly Ser Pro Gly Gln  
 1                    5                    10                    15

tcg atc acc atc tcc tgc act gga acc agc agt gac gtt ggt ggt tat            96  
 Ser Ile Thr Ile Ser Cys Thr Gly Thr Ser Ser Asp Val Gly Gly Tyr  
                                  20                    25                    30

aac ctt gtc tcc tgg tac caa cag cac cca ggc aaa gcc ccc aaa ctc            144  
 Asn Leu Val Ser Trp Tyr Gln Gln His Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu  
                                  35                    40                    45

atg att tat gag ggc agt aag cgg ccc tca ggg gtt tct aat cgc ttc            192

Met Ile Tyr Glu Gly Ser Lys Arg Pro Ser Gly Val Ser Asn Arg Phe  
                                  50                    55                    60  
 ttt ggc tcc aag tct ggc gac acg gct tcc ctg acc atc tct ggg ctc            240  
 Phe Gly Ser Lys Ser Gly Asp Thr Ala Ser Leu Thr Ile Ser Gly Leu  
 65                    70                    75                    80

cag gct gag gac gag gct gat tat tac tgc agc tca tat aca acc agc 288  
 Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ser Ser Tyr Thr Thr Ser

85 90 95

agc act cat gtc ttc gga act ggg acc aag gtc acc gtc cta ggt gcg 336  
 Ser Thr His Val Phe Gly Thr Gly Thr Lys Val Thr Val Leu Gly Ala

100 105 110

gcc gca ggc cag ccc aag gcc gct ccc agc gtg acc ctg ttc ccc ccc 384  
 Ala Ala Gly Gln Pro Lys Ala Ala Pro Ser Val Thr Leu Phe Pro Pro

115 120 125

tcc tcc gag gag ctg cag gcc aac aag gcc acc ctg gtg tgc ctc atc 432  
 Ser Ser Glu Glu Leu Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ile

130 135 140

agc gac ttc tac cct ggc gcc gtg acc gtg gcc tgg aag gcc gac agc 480  
 Ser Asp Phe Tyr Pro Gly Ala Val Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp Ser

145 150 155 160

agc ccc gtg aag gcc ggc gtg gag acc acc acc ccc agc aag cag agc 528

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

165 170 175

aac aac aag tac gcc gcc age age tac ctg age ctc acc ccc gag cag 576  
 Asn Asn Lys Tyr Ala Ala Ser Ser Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu Gln

180 185 190

tgg aag agc cac egg age tac age tgc cag gtg acc cac gag ggc agc 624  
 Trp Lys Ser His Arg Ser Tyr Ser Cys Gln Val Thr His Glu Gly Ser

195 200 205

acc gtg gag aag acc gtg gcc ccc acc gag tgc agc 660  
 Thr Val Glu Lys Thr Val Ala Pro Thr Glu Cys Ser

210 215 220

<210> 114  
 <211> 220  
 <212> PRT  
 <213> Homo sapiens



<400> 114

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

<210> 115

<211> 660

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220><221> CDS

<222> (1)..(660)

<223>

<400> 115

cag tct gcc ctg act cag cct cgc tca gtg tcc ggg tct cct gga cag 48

Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Arg Ser Val Ser Gly Ser Pro Gly Gln

1 5 10 15

tca gtc acc atc tcc tgc act gga acc agc agt gat gtt ggt ggt tat 96

Ser Val Thr Ile Ser Cys Thr Gly Thr Ser Ser Asp Val Gly Gly Tyr

20 25 30

aac tat gtc tcc tgg tac caa cag cac cca ggc aaa gcc ccc aaa ctc 144

Asn Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln His Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu

35 40 45

atg att tat ggg ggc agt gag cgg ccc tca ggg gtt tct aat cgc ttc 192

Met Ile Tyr Gly Gly Ser Glu Arg Pro Ser Gly Val Ser Asn Arg Phe

50 55 60

tct ggc tcc aag tct ggc aac acg gcc tcc ctg aca atc tct ggg gtc 240

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

65 70 75 80

cag gct gag gac gag gct gat tat tac tgc agc tca tat aca agc agc 288

Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ser Ser Tyr Thr Ser Ser

85 90 95

ggc act ctg cta ttc ggc gga ggc acc cag ctg acc gtc ctc ggt gcg 336

Gly Thr Leu Leu Phe Gly Gly Gly Thr Gln Leu Thr Val Leu Gly Ala

100 105 110

gcc gca ggc cag ccc aag gcc gct ccc agc gtg acc ctg ttc ccc ccc 384

Ala Ala Gly Gln Pro Lys Ala Ala Pro Ser Val Thr Leu Phe Pro Pro

115 120 125

tcc tcc gag gag ctg cag gcc aac aag gcc acc ctg gtg tgc ctc atc 432

Ser Ser Glu Glu Leu Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ile  
 130 135 140  
 agc gac ttc tac cct ggc gcc gtg acc gtg gcc tgg aag gcc gac agc 480  
 Ser Asp Phe Tyr Pro Gly Ala Val Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp Ser  
 145 150 155 160  
 agc ccc gtg aag gcc ggc gtg gag acc acc acc ccc agc aag cag agc 528  
 Ser Pro Val Lys Ala Gly Val Glu Thr Thr Thr Pro Ser Lys Gln Ser  
 165 170 175  
 aac aac aag tac gcc gcc agc agc tac ctg agc ctc acc ccc gag cag 576  
 Asn Asn Lys Tyr Ala Ala Ser Ser Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu Gln  
 180 185 190  
 tgg aag agc cac cgg agc tac agc tgc cag gtg acc cac gag ggc agc 624  
 Trp Lys Ser His Arg Ser Tyr Ser Cys Gln Val Thr His Glu Gly Ser  
 195 200 205  
 acc gtg gag aag acc gtg gcc ccc acc gag tgc agc 660  
 Thr Val Glu Lys Thr Val Ala Pro Thr Glu Cys Ser  
 210 215 220  
 <210> 116  
 <211> 220  
 <212> PRT  
 <213> Homo sapiens  
 <400> 116  
 Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Arg Ser Val Ser Gly Ser Pro Gly Gln  
 1 5 10 15  
 Ser Val Thr Ile Ser Cys Thr Gly Thr Ser Ser Asp Val Gly Gly Tyr  
 20 25 30  
 Asn Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln His Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu  
 35 40 45  
 Met Ile Tyr Gly Gly Ser Glu Arg Pro Ser Gly Val Ser Asn Arg Phe  
 50 55 60  
 Ser Gly Ser Lys Ser Gly Asn Thr Ala Ser Leu Thr Ile Ser Gly Val

65                    70                    75                    80  
 Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ser Ser Tyr Thr Ser Ser  
                          85                    90                    95  
 Gly Thr Leu Leu Phe Gly Gly Gly Thr Gln Leu Thr Val Leu Gly Ala  
                          100                    105                    110  
 Ala Ala Gly Gln Pro Lys Ala Ala Pro Ser Val Thr Leu Phe Pro Pro  
                          115                    120                    125  
 Ser Ser Glu Glu Leu Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ile  
                          130                    135                    140  
 Ser Asp Phe Tyr Pro Gly Ala Val Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp Ser  
 145                    150                    155                    160  
 Ser Pro Val Lys Ala Gly Val Glu Thr Thr Thr Pro Ser Lys Gln Ser

                         165                    170                    175  
 Asn Asn Lys Tyr Ala Ala Ser Ser Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu Gln  
                          180                    185                    190  
 Trp Lys Ser His Arg Ser Tyr Ser Cys Gln Val Thr His Glu Gly Ser  
                          195                    200                    205  
 Thr Val Glu Lys Thr Val Ala Pro Thr Glu Cys Ser  
                          210                    215                    220

<210> 117

<211> 639

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220><221> CDS

<

222> (1)..(639)

<223>

<400> 117

gac atc cag atg acc cag tct cca tct tcc ctg tct gca tct gta gga 48

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly

1                    5                    10                    15

gac aga gtc acc ctc act tgt cgg gcg agt cag ggt att ggc acc tgg 96

Asp Arg Val Thr Leu Thr Cys Arg Ala Ser Gln Gly Ile Gly Thr Trp

20	25	30	
tta gcc tgg tat cag cag aaa cca ggg aaa gcc cct aag ctc ctg atc			144
Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile			
35	40	45	
tat tct gca tcc agt ttg caa agt ggg gtc cca tca agg ttc agt ggc			192
Tyr Ser Ala Ser Ser Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly			
50	55	60	
agt gga tct ggg aca gat ttc act ctc agc atc agc aac ctg cag cct			240
Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Ser Ile Ser Asn Leu Gln Pro			
65	70	75	80
gaa gat ttt gca act tac tat tgt caa cag gct aac agt ttc ccg atc			288
Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Ala Asn Ser Phe Pro Ile			
85	90	95	
acc ttc ggc caa ggg aca cga ctg gag att aaa cgt gcg gcc gca ccc			336
Thr Phe Gly Gln Gly Thr Arg Leu Glu Ile Lys Arg Ala Ala Ala Pro			
100	105	110	
agc gtg ttc atc ttc ccc ccc tcc gac gag cag ctg aag agc ggc acc			384
Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr			
115	120	125	
gcc agc gtg gtg tgc ctg ctg aac aac ttc tac ccc cgg gag gcc aag			432
Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys			
130	135	140	
gtg cag tgg aag gtg gac aac gcc ctg cag agc ggc aac agc cag gag			480
Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu			
145	150	155	160
agc gtg acc gag cag gac agc aag gac tcc acc tac agc ctg agc agc			528
Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser			
165	170	175	
acc ctc acc ctg agc aag gcc gac tac gag aag cac aag gtg tac gcc			576

Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala  
 180 185 190  
 tgc gag gtg acc cac cag ggc ctg agc agc ccc gtg acc aag agc ttc 624  
 Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe  
 195 200 205  
 aac cgg ggc gag tgt 639  
 Asn Arg Gly Glu Cys  
 210

<210> 118  
 <211> 213  
 <212> PRT  
 <213> Homo sapiens  
 <400> 118

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly  
 1 5 10 15  
 Asp Arg Val Thr Leu Thr Cys Arg Ala Ser Gln Gly Ile Gly Thr Trp  
 20 25 30  
 Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile  
 35 40 45  
 Tyr Ser Ala Ser Ser Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly  
 50 55 60  
 Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Ser Ile Ser Asn Leu Gln Pro  
 65 70 75 80  
 Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Ala Asn Ser Phe Pro Ile  
 85 90 95  
 Thr Phe Gly Gln Gly Thr Arg Leu Glu Ile Lys Arg Ala Ala Ala Pro  
 100 105 110  
 Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr  
 115 120 125  
 Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys  
 130 135 140

Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu  
 145                      150                      155                      160  
 Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser  
                                  165                      170                      175  
 Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala  
                                  180                      185                      190  
 Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe  
                                  195                      200                      205  
 Asn Arg Gly Glu Cys  
                                  210  
 <210> 119  
 <211> 660  
 <212> DNA  
 <213> Homo sapiens  
 <220><221> CDS  
 <222> (1)..(660)  
 <223>  
 <400> 119  
 tcc tat gtg ctg act cag cca ccc tca gcg tct ggg acc ccc ggg cag            48  
 Ser Tyr Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Ser Gly Thr Pro Gly Gln  
  
 1                      5                      10                      15  
 agg gtc acc atc tct tgt tcc gga agc agc tcc aac atc gga aag ttt            96  
 Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Lys Phe  
                                  20                      25                      30  
 tat gtg tac tgg tac cag cag ttc cca gga gcg gcc ccc aaa ctc ctc            144  
 Tyr Val Tyr Trp Tyr Gln Gln Phe Pro Gly Ala Ala Pro Lys Leu Leu  
                                  35                      40                      45  
  
 atc tat agt aat aat cag cgg ccc tca ggg gtc cct gac cga ttc tct            192  
 Ile Tyr Ser Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser  
                                  50                      55                      60  
 ggc tcc aag tct ggc acc tca gcc tcc ctg gcc atc agt ggg ctc cag            240  
 Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln





<213> Homo sapiens

<400> 120

Ser Tyr Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Ser Gly Thr Pro Gly Gln

1                    5                    10                    15  
 Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Lys Phe

                  20                    25                    30  
 Tyr Val Tyr Trp Tyr Gln Gln Phe Pro Gly Ala Ala Pro Lys Leu Leu

                  35                    40                    45  
 Ile Tyr Ser Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser

                  50                    55                    60  
 Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln

65                    70                    75                    80  
 Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Ala Trp Asp Gly Ser Leu

                  85                    90                    95  
 Asn Gly Tyr Val Phe Gly Thr Gly Thr Lys Val Thr Val Leu Gly Ala

                  100                    105                    110  
 Ala Ala Gly Gln Pro Lys Ala Ala Pro Ser Val Thr Leu Phe Pro Pro

                  115                    120                    125  
 Ser Ser Glu Glu Leu Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ile

                  130                    135                    140  
 Ser Asp Phe Tyr Pro Gly Ala Val Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp Ser

145                    150                    155                    160  
 Ser Pro Val Lys Ala Gly Val Glu Thr Thr Thr Pro Ser Lys Gln Ser

                  165                    170                    175  
 Asn Asn Lys Tyr Ala Ala Ser Ser Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu Gln

                  180                    185                    190  
 Trp Lys Ser His Arg Ser Tyr Ser Cys Gln Val Thr His Glu Gly Ser

                  195                    200                    205  
 Thr Val Glu Lys Thr Val Ala Pro Thr Glu Cys Ser

                  210                    215                    220  
 <210> 121

<211> 24  
 <212> DNA  
 <213> Artificial sequence  
 <220><223> Anti-sense primer HuCK-FOR  
 <400> 121  
 acactctccc ctgttgaagc tctt 24  
 <210> 122  
 <211> 23  
 <212> DNA  
 <213> Artificial sequence  
 <220><223> Anti-sense primer HuCL2-FOR  
 <400> 122  
 tgaacattct gtaggggcca ctg 23  
  
 <210> 123  
 <211> 23  
 <212> DNA  
 <213> Artificial sequence  
 <220><223> Anti-sense primer HuCL7-FOR  
 <400> 123  
 agagcattct gcaggggcca ctg 23  
 <210> 124  
 <211> 4941  
 <212> DNA  
 <213> Artificial sequence  
 <220><223> Vector PDV-C06  
 <400> 124  
 aagcttgcat gcaaattcta tttcaaggag acagtcataa tgaataacct attgcctacg 60  
 gcagccgctg gattgttatt actcgcggcc cagccggcca tggccgaggt gtttgactaa 120  
 tggggcgcgc ctcaggaac cctggtcacc gtctcgagcg gtacgggagg ttcaggcgga 180  
  
 accggcagcg gcaactggcg gtcgacggaa attgtgctca cacagtctcc agccaccctg 240  
 tctttgtctc caggggaaag agccaccctc tctgcaggg ccagtcagag tgtagcagc 300  
 tacttagcct ggtaccaaca gaaactggc caggctccca ggctcctcat ctatgatgca 360  
 tccaacaggg ccaactggcat cccagccagg ttcagtggca gtgggtctgg gacagacttc 420

actctcacca tcagcagcct agagcctgaa gattttgcag tttattactg tcagcagcgt 480  
 agcaactggc ctccggcttt cggcggaggg accaaggtgg agatcaaacg tgcggccgca 540  
 catcatcatc accatcacgg ggccgcataat accgatattg aaatgaaccg cctgggcaaa 600

ggggccgcat agactgttga aagtgtttta gcaaaacctc atacagaaaa ttcatttact 660  
 aacgtctgga aagacgacaa aactttagat cgttacgcta actatgaggg ctgtctgtgg 720  
 aatgctacag gcgttgtggt ttgtactggt gacgaaactc agtgttacgg tacatggggt 780  
 cctattgggc ttgctatccc tgaaaatgag ggtgggtggct ctgaggggtg cggttctgag 840  
 ggtggcggtt ctgaggggtg cggtactaaa cctcctgagt acggtgatac acctattccg 900  
 ggctatactt atatcaacc tctcgacggc acttatccgc ctggtactga gcaaaacccc 960  
 gctaactcta atccttctct tgaggagtct cagcctctta atactttcat gtttcagaat 1020

aataggttcc gaaataggca ggggtgcatta actgtttata cgggcactgt tactcaagge 1080  
 actgaccccg ttaaaactta ttaccagtac actcctgtat catcaaaagc catgtatgac 1140  
 gcttactgga acggtaaat cagagactgc gctttccatt ctggctttaa tgaggatcca 1200  
 ttcgtttgtg aatatcaagg ccaatcgtct gacctgectc aacctcctgt caatgctggc 1260  
 ggcggctctg gtgtgtgttc tgggtggcggc tctgagggtg gcggctctga ggggtggcgg 1320  
 tctgagggtg gcggctctga ggggtggcgg tccgggtggcg gctccggttc cggtgat ttt 1380  
 gattatgaaa aaatggcaaa cgctaataag ggggctatga ccgaaaatgc cgatgaaaac 1440

gcgctacagt ctgacgctaa aggcaaacct gattctgtcg ctactgatta cgggtctgct 1500  
 atcgatggtt tcattggtga cgtttccggc cttgctaata gtaatggtgc tactggtgat 1560  
 tttgctggct ctaattccca aatggctcaa gtcggtgacg gtgataatc acctttaatg 1620  
 aataatttcc gtcaatattt accttctttg cctcagtcgg ttgaatgtcg cccttatgct 1680  
 tttggcgctg gtaaaccata tgaattttct attgattgtg acaaaataaa ctattccgt 1740  
 ggtgtctttg cgtttctttt atatgttggc acctttatgt atgtatttc gacgtttgct 1800  
 aacatactgc gtaataagga gtcttaataa gaattcactg gccgtcgttt tacaacgtcg 1860

tgactgggaa aaccctggcg ttaccaact taatcgctt gcagcacatc cccctttcgc 1920  
 cagctggcgt aatagcgaag aggcccgcac cgatcgccct tccaacagt tgcgcagcct 1980  
 gaatggcgaa tggccctga tgcggtat tctccttacg catctgtgcg gtatttcaca 2040  
 ccgcatacgt caaagcaacc atagiacgcg ccctgtagcg gcgcattaag cgcggcgggt 2100  
 gtggtgggta cgcgcagcgt gaccgctaca cttgccagcg ccctagcgc cgctccttc 2160  
 gctttcttcc ctctcttct cgccacgttc gccggcttcc cccgtcaagc tetaaatcgg 2220

gggctccctt tagggttccg atttagtgtc ttacggcacc tcgaccccaa aaaacttgat 2280  
  
 ttgggtgatg gttcacgtag tgggccatcg cctgataga cggtttttcg ccctttgacg 2340  
 ttggagtcca cgttctttaa tagtggactc ttgttccaaa ctggaacaac actcaaccct 2400  
 atctcgggct attcctttga tttataaggg attttgccga tttcggccta ttggttaaaa 2460  
 aatgagctga ttaacaaaa atttaacgcg aattttaaca aatattaac gtttacaatt 2520  
 ttatggtgca ctctcagtac aatctgctct gatgccgcat agttaagcca gccccgacac 2580  
 ccgccaacac ccgtgacgc gccctgacgg gcttgtctgc tcccggcatc cgcttacaga 2640  
 caagctgtga ccgtctccgg gagctgcatg tgtcagaggt tttcacgtc atcaccgaaa 2700  
  
 cgcgcgagac gaaagggcct cgtgatacgc ctatTTTTat aggttaatgt catgataata 2760  
 atggtttctt agacgtcagg tggcactttt cggggaaatg tgcgcggaac ccctatttgt 2820  
 ttatTTTTct aaatacttc aaatatgtat ccgctcatga gacaataacc ctgataaatg 2880  
 cttaataat attgaaaaag gaagagtatg agtattcaac atttccgtgt cgcccttatt 2940  
 ccctTTTTtg cggcattttg ccttctgtt tttgctcacc cagaaacgct ggtgaaagta 3000  
 aaagatgctg aagatcagtt ggggtcacga gtgggttaca tcgaactgga tetcaacagc 3060  
 gtaaatcc ttgagagttt tcgccccgaa gaacgttttc caatgatgag cacttttaaa 3120  
  
 gttctgctat gtggcgcggt attatcccgt attgacccg ggcaagagca actcggtcgc 3180  
 cgcatacct attctcagaa tgacttggtt gactactcac cagtcacaga aaagcatctt 3240  
 acgatggca tgacagtaag agaattatgc agtctgcca taacctagag tgataacct 3300  
 gcggccaact tacttctgac aacgatcgga ggaccgaagg agctaaccgc ttttttgac 3360  
 aacatggggg atcatgtaac tcgcttgat cgttgggaac cggagctgaa tgaagccata 3420  
 ccaaacgac agcgtgacac cacgatgcct gtagcaatgg caacaacgtt gcgcaacta 3480  
 ttaactggcg aactacttac tctagcttcc cggcaacaat taatagactg gatggaggcg 3540  
  
 gataaagttg caggaccact tctgcgctcg gcccttccgg ctggctggtt tattgctgat 3600  
 aaatctggag ccggtgagcg tgggtctcgc ggtatcattg cagcactggg gccagatggt 3660  
 aagccctccc gtatcgtagt tatctacacg acggggagtc aggcaactat ggatgaacga 3720  
 aatagacaga tcgctgagat aggtgcctca ctgattaagc attggttaact gtcagaccaa 3780  
 gtttactcat atatacttta gattgattta aaacttcatt tttaatTTaa aaggatctag 3840  
 gtgaagatcc tttttgataa tctcatgacc aaaatccctt aacgtgagtt ttcgttccac 3900  
 tgagcgtcag accccgtaga aaagatcaaa ggatcttctt gagatccttt ttttctgcgc 3960

gtaatctgct gcttgcaaac aaaaaaacca ccgctaccag cggtggtttg tttgccggat 4020  
 caagagctac caactctttt tccgaaggta actggcttca gcagagcgca gataccaaat 4080  
 actgtccttc tagtgtagcc gtagttaggc caccacttca agaactctgt agcaccgcct 4140  
 acatacctcg ctctgctaata cctgttacca gtggctgctg ccagtggcga taagtctgtg 4200  
 cttaccgggt tggactcaag acgatagtta ccggataagg cgcagcggtc gggctgaacg 4260  
 gggggttcgt gcacacagcc cagcttggag cgaacgacct acaccgaact gagataccta 4320  
 cagcgtgagc taigagaaag cgccacgctt cccgaaggga gaaaggcgga caggtatccg 4380

gtaagcggca gggctggaac aggagagcgc acgagggagc ttccaggggg aaacgcctgg 4440  
 tatctttata gtctgtcgg gtttcgccac ctctgacttg agcgtcgatt tttgtgatgc 4500  
 tcgtcagggg ggcggagcct atggaaaaac gccagcaacg cggccttttt acggttctctg 4560  
 gccttttgc ggccttttgc tcacatgttc tttcctgcgt tatccctga ttctgtggat 4620  
 aaccgtatta ccgcctttga gtgagctgat accgctcgcc gcagccgaac gaccgagcgc 4680  
 agcgagtcag tgagcgagga agcggaagag cgccaatac gcaaaccgcc tctccccgcg 4740  
 cgttggccga ttcattaatg cagctggcac gacaggtttc ccgactggaa agcgggcagt 4800

gagcgaacg caattaatgt gagttagctc actcattagg caccccagc tttacacttt 4860  
 atgcttccgg ctctgatgtt gtgtggaatt gtgagcggat aacaatttca cacaggaaac 4920  
 agctatgacc atgattacgc c 4941

<210> 125

<211> 24

<212> DNA

<213> Artificial sequence

<220><223> Anti-sense primer HuCIgG

<400> 125

gtccaccttg gtgttgctgg gctt 24

<210> 126

<211> 24

<212> DNA

<213> Artificial sequence

<220><223> Anti-sense primer HuCIgM

<400> 126

tggaagagc acgttctttt cttt 24

<210> 127

<211> 10515

<212> DNA

<213> Artificial sequence

<220><223> Vector pIg-C911-HCgamma1

<220><221> misc\_feature

<222> (1326)..(5076)

<223> Stuffer

<400> 127

```

tcgacggatc gggagatctc ccgatccct atggtgcact ctcagtacaa tctgctctga    60
tgccgcatag ttaagccagt atctgctccc tgcttgtgtg ttggaggctg ctgagtagtg    120
cgcgagcaaa atttaagcta caacaaggca aggcttgacc gacaattgca tgaagaatct    180
gcttagggtt aggcgttttg cgctgcttcg ctagggtggc aatattggcc attagccata    240

ttattcattg gttatatagc ataaatcaat attggctatt ggccattgca tacgttgtat    300
ccatatcata atatgtacat ttatatggc tcatgtccaa cattaccgcc atgttgacat    360
tgattattga ctagttatta atagtaatca attacggggc cattagttca tagcccatat    420
atggagtacc gcgttacata acttacggta aatggcccgc ctggctgacc gcccaacgac    480
ccccgccat tgacgtcaat aatgacgtat gttcccatag taacccaat agggactttc    540
cattgacgtc aatgggtgga gtatttacgg taaactgcc acttggcagt acatcaagtg    600
tatcatatgc cagtacgcc ccctattgac gtcaatgacg gtaaatggcc cgctggcat    660

tatgcccagt acatgacctt atgggacttt cctacttggc agtacatcta cgtattagtc    720
atcgctatta ccatggtgat gcggttttgg cagtacatca atgggcgtgg atagcggttt    780
gactcacggg gatttccaag tctccacccc attgacgtca atgggagttt gttttggcac    840
caaaatcaac gggactttcc aaaatgtcgt aacaactccg cccattgac gcaaatgggc    900
ggtaggcgtg tacggtggga ggtctatata agcagagctc gtttagtgaa ccgtcagatc    960
gcctggagac gccatccagc ctgttttgac ctccatagaa gacaccggga ccgatccagc   1020
ctccgcggcc gggaacggtg cattggaagc tggcctggat atcctgactc tcttaggtag   1080

ccttgcagaa gttggtcgtg aggcactggg caggtaagta tcaagttac aagacaggtt   1140
taaggagatc aatagaaact gggcttgtcg agacagagaa gactcttgcg tttctgatag   1200
gcacctattg gtcttactga catccacttt gcctttctct ccacaggtgt cactcccag   1260
ttcaattaca gctgccacc atgggatgga gctgtatcat cctctcttg gtactgctgc   1320
tggcccagcc ggccagtgac cttgaccggt gcaccacttt tgatgatgtt caagctccta   1380
attactca acatacttca tctatgaggg gggtttacta tcctgatgaa attttagat   1440

```

cggacactct ttatttaact caggatttat ttcttcatt ttattctaata gttacagggt 1500  
  
 ttcatactat taatcatacg tttggcaacc ctgtcataacc ttttaaggat ggtatttatt 1560  
 ttgctgccac agagaaatca aatgttgtcc gtggttgggt ttttggttct accatgaaca 1620  
 acaagtcaca gtcggtgatt attattaaca attctactaa tgttgttata cgagcatgta 1680  
 actttgaatt gtgtgacaac cctttctttg ctgtttctaa acccatgggt acacagacac 1740  
 atactatgat attcgataat gcatttaatt gcactttcga gtacatatct gatgcctttt 1800  
 cgcttgatgt ttcagaaaag tcaggtaatt ttaaactt acgagagttt gtgtttaaaa 1860  
 ataaagatgg gtttctctat gtttataagg gctatcaacc tatagatgta gttcgtgatc 1920  
  
 taccttctgg ttttaacact ttgaaacctt tttttaagtt gcctcttgggt attaacatta 1980  
 caaattttag agccattctt acagcctttt cacctgctca agacatttgg ggcacgtcag 2040  
 ctgcagccta ttttgttggc tatttaaaagc caactacatt tatgctcaag tatgatgaaa 2100  
 atggtacaat cacagatgct gttgattgtt ctcaaaatcc acttctgtaa ctcaaatgct 2160  
 ctgttaagag ctttgagatt gacaaaaggaa tttaccagac ctctaatttc agggttgttc 2220  
 cctcaggaga tgttgtgaga ttccctaata ttacaaactt gtgtcctttt ggagaggttt 2280  
 ttaatgctac taaattccct tctgtctatg catgggagag aaaaaaatt tctaattgtg 2340  
  
 ttgctgatta ctctgtgctc tacaactcaa catTTTTTtTc aacctttaag tgctatggcg 2400  
 tttctgccac taagttgaat gatctttgct tctccaatgt ctatgcagat tctttttag 2460  
 tcaagggaga tgatgtaaga caaatagcgc caggacaaac tgggtttatt gctgattata 2520  
 attataaatt gccagatgat ttcatgggtt gtgtccttgc ttggaatact aggaacattg 2580  
 atgctacttc aactggtaat tataattata aatataggta tcttagacat ggcaagctta 2640  
 ggccctttga gagagacata tctaattgtc ctttctcccc tgatggcaaa ctttgcacce 2700  
 cacctgctct taattgttat tggccattaa atgattatgg tttttacacc actactgcea 2760  
  
 ttggctacca accttacaga gttgtagtac tttcttttga acttttaaat gcaccggcca 2820  
 cggtttggg accaaaatta tccactgacc ttattaagaa ccagtgtgtc aatttttaatt 2880  
 ttaatggact cactggfact ggtgtgttaa ctcttcttc aaagagattt caaccatttc 2940  
 aacaatttgg ccgigtatgtt tctgatttca ctgattccgt tcgagatcct aaaacatctg 3000  
 aatatataga catttcacct tgctcttttg ggggtgtaag tgtaattaca cctggaacaa 3060  
 atgcttcac tgaagttgct gttctatata aagatgttaa ctgcactgat gtttctacag 3120  
 caattcatgc agatcaactc acaccagctt ggcgcatata ttctactgga aacaatgtat 3180

tccagactca ggcaggctgt cttataggag ctgagcatgt cgacacttct tatgagtgcg 3240  
 acattcctat tggagctggc attttgctca gttaccatac agtttcttta ttacgtagta 3300  
 ctagccaaaa atctattgtg gcttatacta tgtctttagg tgctgatagt tcaattgctt 3360  
 actctaataa caccattgct atacctacta acttttcaat tagcattact acagaagtaa 3420  
 tgctgtttc tatggctaaa acctccgtag attgtaatat gtacatctgc ggagattcta 3480  
 ctgaatgtgc taatttgctt ctccaatatg gtagcttttg cacacaacta aatcgtgcac 3540  
 tctcaggtat tgctgctgaa caggatcgca acacacgtga agtgttcgct caagtcaaac 3600

aaatgtacaa aaccccaact ttgaaatatt ttggtggttt taatttttca caaatattac 3660  
 ctgaccctct aaagccaact aagaggcttt ttattgagga cttgctcttt aataaggatga 3720  
 cactcgtcga tgctggcttc atgaagcaat atggcgaatg cctaggtgat attaagtcta 3780  
 gagatctcat ttgtgcgcag aagtccaatg gacttacagt gttgccacct ctgctcactg 3840  
 atgatatgat tgctgcctac actgctgctc tagttagtgg tactgccact gctggatgga 3900  
 catttggcgc tggcgtgct cttcaatac cttttgctat gcaaatggca tataggttca 3960  
 atggcattgg agttaccaa aatgttctct atgagaacca aaaacaaatc gccaccaat 4020

ttaacaaggc gattagtcaa attcaagaat cacttacaac aacatcaact gcattgggca 4080  
 agctgcaaga cgttggtaac cagaatgctc aagcattaaa cacacttgtt aaacaactta 4140  
 gctctaattt tggtgcaatt tcaagtgtgc taaatgatat ctttcgca cttgataaag 4200  
 tgcaggcgga ggtacaaatt gacaggttaa ttacaggcag acttcaaagc cttcaaacct 4260  
 atgtaacaca acaactaatc agggctgctg aatcagggc ttctgctaata cttgctgcta 4320  
 ctaaaatgct tgagtgtgtt cttggacaat caaaaagagt tgacttttgt ggaaagggct 4380  
 accaccttat gtcttccca caagcagccc cgcattggtgt tgtcttccta catgtcacgt 4440

atgtgccate ccaggagagg aacttcacca cagcgccagc aatttgcata gaaggcaaag 4500  
 catacttccc tcgtgaagggt gtttttgtgt ttaatggcac ttcttggttt attacacaga 4560  
 ggaacttctt ttctccaca ataattacta cagacaatac atttgtctca ggaaattgtg 4620  
 atgtcgttat tggcatcatt aacaacacag ttatgatcc tctgcaacct gagcttgact 4680  
 cattcaaaga agagctggac aagtacttca aaaatcatac atcaccagat gttgatattg 4740  
 gcgacatttc aggcattaac gcttctgtcg tcaacattca aaaagaaatt gaccgcctca 4800  
 atgaggtcgc taaaaattta aatgaatcac tcattgacct tcaagaactg ggaaaatatg 4860

agcaatata taaatggcct ctgcacgaac aaaaactcat ctcaagag gatctgaatg 4920  
 ctgtgggcca ggacacgcag gaggtcatcg tgggtccaca ctcttgccc ttttaagggtg 4980  
 tggatgatctc agccatcctg gccctggtgg tgctcacat catctccctt atcatctca 5040



tcatgctttg gcagaagaag ccacgttagg cggccgctcg agtgctagca ccaagggccc 5100  
 cagcgtgttc cccctggccc ccagcagcaa gaccaccagc ggccgacag ccgcctggg 5160  
 ctgcctggtg aaggactact tccccgagcc cgtgaccgtg agctggaaca gggcgccctt 5220  
 gaccagcggc gtgcacacct tccccgccgt gctgcagagc agcggcctgt acagcctgag 5280  
  
 cagcgtggtg accgtgcccga gcagcagcct gggcaccag acctacatct gcaacgtgaa 5340  
 ccacaagccc agcaacacca aggtggacaa acgcgtggag cccaagagct gcgacaagac 5400  
 ccacacctgc cccccctgcc ctgccccga gctgctgggc ggaccctccg tgttcctggt 5460  
 ccccccaag cccaaggaca cctcatgat cagccggacc cccgaggtga cctgcgtggt 5520  
 ggtggacgtg agccacgagg accccgaggt gaagttcaac tggtagctgg acggcgtgga 5580  
 ggtgcacaac gccaaagacca agccccggga ggagcagtac aacagcacct accgggtggt 5640  
 gagcgtgctc accgtgctgc accaggactg gctgaacggc aaggagtaca agtgcaaggt 5700  
  
 gagcaacaag gcctgcctg cccccatcga gaagaccatc agcaaggcca agggccagcc 5760  
 ccgggagccc caggtgtaca cctgcccc cagccgggag gagatgacca agaaccaggt 5820  
 gtccctcacc tgtctggtga agggettcta cccagcagc atcggcgtgg agtgggagag 5880  
 caacggccag cccgagaaca actacaagac cccccctt gtgctggaca gcgacggcag 5940  
 cttcttctg tacagcaagc tcaccgtgga caagagccgg tggcagcagg gcaacgtgtt 6000  
 cagctgcagc gtgatgcagc aggcctgca caaccaactac acccagaaga gcctgagcct 6060  
 gagccccggc aagtataat ctagagggcc cgtttaacc cgctgatcag cctcgactgt 6120  
  
 gccttctagt tgccagccat ctgtgtttg cccctcccc gtgccttctt tgacctgga 6180  
 aggtgccact cccactgtcc tttcctaata aaatgaggaa attgcatcgc attgtctgag 6240  
 taggtgtcat tctattctgg ggggtgggt gggcaggac agcaaggggg aggattggga 6300  
 agacaatage aggcattctg gggatgcggt gggctctatg gcttctgagg cggaaagaac 6360  
 cagctggggc tctaggggtt atccccacgc gcctgtagc ggcgattaa gcgcgccggg 6420  
 tgtggtggtt acgcgcagcg tgaccgttac acttgccagc gcctagcgc ccgctccttt 6480  
 cgctttcttc cttctcttc tcgccagctt cgccgcttt cccgtaag ctctaaatcg 6540  
  
 ggggctccct ttaggttcc gatttagtgc tttacggcac ctcgaccca aaaaacttga 6600  
 ttaggtgat ggttcacgta gtgggccatc gcctgatag acggttttt gcctttgac 6660  
 gttggagtcc acgttcttta atagtgact cttgttcaa actggaacaa cactcaacc 6720  
 tatctcggtc tattctttg atttataagg gattttgccg atttcggcct attggttaa 6780  
 aatgagctg atttaacaaa aatttaacgc gaattaattc tgtggaatgt gtgtcagtta 6840  
 ggggtgtgaa agtccccagg ctccccagca ggcagaagta tgcaaagcat gcatctcaat 6900

tagtcagcaa ccaggtgtgg aaagtcccca ggctccccag caggcagaag tatgcaaagc 6960

atgcatctca attagtcagc aacatagtc cgccccctaa ctccgccat cccgcccta 7020

actccgcca gtccgcca ttctcgecc catggctgac taatTTTTT tatttatgca 7080

gaggccgagg ccgctctgc ctctgagctt tccagaagt agtgaggagg cTTTTTgga 7140

ggcctaggct ttgcaaaaa gctccggga gcttgatat ccatttccg atctgatcaa 7200

gagacaggat gaggatcgtt tcgcatgatt gaacaagatg gattgcacgc aggttctccg 7260

gccgcttggg tggagaggct attcggctat gactgggcac aacagacaat cggctgctct 7320

gatgccgccc tgttccggt gtcagcgcag gggcgcccgg ttctTTTTgt caagaccgac 7380

ctgtccggtg ccctgaatga actgcaggac gaggcagcgc ggctatcgtg gctggccacg 7440

acggcgctt cttgcgcagc tgtgctgac gttgtcactg aagcgggaag ggactggctg 7500

ctattggcgg aagtgccggg gcaggatctc ctgtcatctc accttgctcc tgccgagaaa 7560

glatccatca tggctgatgc aatgcggcgg ctgcatacgc ttgatccggc tacctgcca 7620

ttcgaccacc aagcgaaca tcgcatcgag cgagcacgta ctcgatgga agccggtctt 7680

gtcgatcagg atgatctgga cgaagagcat caggggctcg cgccagccga actgttccgc 7740

aggctcaagg cgcgcatgcc cgacggcgag gatctcgtcg tgacccatgg cgatgctgc 7800

ttgccgaata tcatggtgga aaatggccgc tttctggat tcatcgactg tggccggtg 7860

ggtgtggcgg accgctatca ggacatagcg ttggctaccg gtgatattgc tgaagagctt 7920

ggcggcgaat gggtgaccg ctctctctg ctttacggta tcgccctcc cgattcgag 7980

cgcatcgct tctatcgct tcttgacgag ttctctgag cgggactctg gggttcgaaa 8040

tgaccacca agcgacccc aacctgcat cagcagattt cgattccacc gccgccttct 8100

atgaaaggtt gggttcgga atcgtttcc gggacgccgg ctggatgatc ctccagcgcg 8160

gggatctcat gctggagtcc ttcgccacc ccaacttgtt tattgcagct tataatggtt 8220

acaaataaag caatagcatc acaatttca caataaagc atTTTTTca ctgatttcta 8280

gttgtggttt gtccaaactc atcaatgtat ctatcatgt ctgtataccg tcgacctcta 8340

gctagagctt ggcgtaatca tggctatagc tgttctctgt gtgaaattgt tatccgctca 8400

caattccaca caacatacga gccggaagca taaagtgtaa agcctggggt gcctaatgag 8460

tgagctaaact cacattaatt gcgttgcgct cactgcccgc tttccagtcg gaaaacctgt 8520

cgtgccagct gcattaatga atcgccaac gcgcggggag aggcggtttg cgtattgggc 8580

gctcttccgc ttctcgtc actgactcgc tgcgtcgggt cgttcggctg cggcgagcgg 8640

tatcagctca ctcaaaggcg gtaatacggg tatccacaga atcaggggat aacgcaggaa 8700  
 agaacatgtg agcaaaaggc cagcaaaagg ccaggaaccg taaaaaggcc gcgttgctgg 8760  
 cgtttttcca taggctccgc cccctgacg agcatcaca aaatcgacgc tcaagtcaga 8820  
 ggtggcgaaa cccgacagga ctataaagat accagggcgtt tccccctgga agctccctcg 8880  
 tgcgctctcc tgttccgacc ctgccctta cggataacct gtccgccttt ctcccttcgg 8940  
 gaagcgtggc gctttctcat agctcacgct gtaggtatct cagttcggtg taggtcgttc 9000  
 gctccaagct gggctgtgtg cacgaacccc ccgttcagcc cgaccgctgc gccttatccg 9060

gtaactatcg tcttgagtcc aaccggtaa gacacgactt atcgccactg gcagcagcca 9120  
 ctggtaacag gattagcaga gcgaggtatg taggcgggtc tacagagttc ttgaagtggg 9180  
 gcctaacta cggctacact agaagaacag tatttggtat ctgcgctctg ctgaagccag 9240  
 ttaccttcgg aaaaagagtt ggtagctctt gatccggcaa acaaaccacc gctggtagcg 9300  
 gttttttgt ttgcaagcag cagattacgc gcagaaaaaa aggatctcaa gaagatcctt 9360  
 tgatctttc tacggggtct gacgctcagt ggaacgaaaa ctcacgttaa gggattttgg 9420  
 tcatgagatt atcaaaaagg atcttcacct agatcctttt aaattaaaa tgaagtttta 9480

aatcaatcta aagtatatat gagtaaacct ggtctgacag ttaccaatgc ttaatcagtg 9540  
 aggcacctat ctacgcgacg tgtctatttc gttcatccat agttgcctga ctccccgtcg 9600  
 ttagataac tacgatacgg gagggcttac catctggccc cagtgctgca atgataccgc 9660  
 gagaccacg ctaccggct ccagatttat cagcaataaa ccagccagcc ggaagggccc 9720  
 agcgcagaag tggctctgca actttatccg cctccatcca gtctattaat tgttgccggg 9780  
 aagctagagt aagtagttcg ccagttaata gtttgcgcaa cgttgttggc attgctacag 9840  
 gcatcgtggt gtcacgctcg tcgtttggta tggcttcatt cagctccggt tccaacgat 9900

caagcgcagt tacatgatcc cccatgttgt gcaaaaaagc ggttagctcc ttcggtcctc 9960  
 cgatcgttgt cagaagtaag ttggccgcag tgtatcact catggttatg gcagcactgc 10020  
 ataattctct tactgtcatg ccatccgtaa gatgcttttc tgtgactggt gagtactcaa 10080  
 ccaagtcatt ctgagaatag tgtatgcggc gaccgagttg ctcttgcccc gcgtcaatac 10140  
 gggataatac cgcgccacat agcagaactt taaaagtct catcattgga aaacgttctt 10200  
 cggggcgaaa actctcaagg atcttaccgc tgttgagatc cagttcgatg taaccactc 10260  
 gtgcaccaa ctgatctca gcatctttta ctttaccag cgtttctggg tgagcaaaaa 10320

caggaaggca aaatgccga aaaaaggga taaggcgac acggaatgt tgaatactca 10380  
 tactcttctt tttcaatat tattgaagca tttatcaggg ttattgtctc atgagcggat 10440  
 acatatttga atgtatttag aaaaataaac aaatagggt tccgcgaca tttccccgaa 10500

aagtgccacc tgacg 10515

<210> 128

<211> 8777

<212> DNA

<213> Artificial sequence

<220><223> Vector pIg-C909-Ckappa

<220><221> misc\_feature

<222> (1328)..(3860)

<223> Stuffer

<400> 128

tcgacggatc gggagatctc ccgatcccct atggtgact ctcagtacaa tctgctctga 60

tgccgcatag ttaagccagt atctgctccc tgcttgtgtg ttggaggctg ctgagtagtg 120

cgcgagcaaa atttaagcta caacaaggca aggcttgacc gacaattgtt aattaacatg 180

aagaatctgc ttagggttag gcgttttgcg ctgcttcgct aggttggtcaa tattggccat 240

tagccatatt atcattggt tatatagcat aaatcaatat tggctattgg ccattgcata 300

cgttgtatcc atacataat atgtacattt atattggctc atgtccaaca ttaccgcat 360

gttgacattg attattgact agttattaat agtaatcaat tacgggtca ttagttcata 420

gccatataat ggagttccgc gttacataac ttacggtaaa tggcccgcct ggctgaccgc 480

ccaacgacc cgcceattg acgtcaataa tgacgtatgt tcccatagta acgccaatag 540

ggactttcca ttgacgtcaa tgggtggagt atttacggta aactgcccac ttggcagtac 600

atcaagtgta tcatatgcca agtaccccc ctattgacgt caatgacggt aatggcccg 660

cctggcatta tgcccagtac atgaccttat gggactttcc tacttggcag tacatctacg 720

tattagtcat cgctattacc atgggatgac ggttttggca gtacatcaat gggcgtggat 780

agcggtttga ctcacgggga tttccaagtc tccaccccat tgacgtcaat gggagtttgt 840

tttggcacca aaatcaacgg gactttccaa aatgctgtaa caactcggcc ccattgacgc 900

aaatgggcgg taggcgtgta cgggtgggagg tctatataag cagagctcgt ttagtgaacc 960

gtcagatcgc ctggagacgc catccacgct gttttgacct ccatagaaga caccgggacc 1020

gatccagcct ccgcggccgg gaacggtgca ttggaatcga tgactctctt aggtagcctt 1080

gcagaagtgt gtcgtgaggc actgggcagg taagtatcaa ggttacaaga caggtttaag 1140

gagatcaata gaaactgggc ttgtcgagac agagaagact cttgcgtttc tgataggcac 1200

ctattggtct tactgacatc cactttgcct ttctctccac aggtgtccac tcccagtcca 1260

attacagctc gccacatgc ggctgccccg ccagctgctg ggccttctca tgctgtgggt 1320  
  
 gccccctcg agatctatcg atgcatgcca tggtagcaag cttgccacca tgagcagcag 1380  
 ctcttggctg ctgctgagcc tgggtggcctg gacagccgcc cagagcacca tcgaggagca 1440  
 ggccaagacc ttcttgaca agttcaacca cgaggccgag gacctgttct accagagcag 1500  
 cctggccage tggaaactaca acaccaacat caccgaggag aacgtgcaga acatgaacaa 1560  
 cgccggcgac aagtggagcg ccttctgaa ggagcagagc aactggccc agatgtacce 1620  
 cctgcaggag atccagaacc tgaccgtgaa gctgcagctg caggccctgc agcagaacgg 1680  
 cagcagcgtg ctgagcgagg acaagagcaa gcggctgaac accatcctga acacatgctc 1740  
  
 caccatctac agcaccggca aagtgtgcaa ccccgacaac ccccaggagt gcctgctgct 1800  
 ggagccccgc ctgaacgaga tcatggccaa cagcctggac tacaacgagc ggctgtgggc 1860  
 ctgggagagc tggcggagcg aagtgggcaa gcagctgcgg ccctgtacg aggagtacgt 1920  
 ggtgctgaag aacgagatgg ccagggcaa cactacgag gactacggcg actactggag 1980  
 aggcgactac gaagtgaacg gcgtggacgg ctacgactac agcagaggcc agctgatcga 2040  
 ggacgtggag cacaccttcg aggagatcaa gcctctgtac gagcacctgc acgcctacgt 2100  
 gcgggccaag ctgatgaacg cctaccccag ctacatcagc cccatcggct gcctgccccg 2160  
  
 ccacctgctg ggcgacatgt ggggcccgtt ctggaccaac ctgtacagcc tgaccgtgcc 2220  
 cttcggccag aagccaaca tcgacgtgac cgacgccatg gtggaccagg cctgggacgc 2280  
 ccagcggatc ttcaaggagg ccgagaagt cttcgtgagc gtggccctgc ccaacatgac 2340  
 ccagggcctt tgggagaaca gcatgctgac cgaccccggc aatgtgcaga aggccgtgtg 2400  
 ccaccccacc gcctgggacc tgggcaaggg cgacttccgg atcctgatgt gcaccaaagt 2460  
 gaccatggac gacttctga ccgcccacca cgagatgggc cacatccagt acgacatgac 2520  
 ctacccgcc cagcccttc tgctcggaa cggcgccaac gagggcttc acgaggccgt 2580  
  
 gggcgagatc atgagcctga gcgccccac cccaagcac ctgaagagca tcggcctgct 2640  
 gagccccgac ttccaggagg acaacgagac cgagatcaac ttctgctga agcaggccct 2700  
 gaccatcgtg ggcaccctgc cttcaccta catgctggag aagtggcgtt ggatggtgtt 2760  
 taaggcgag atcccaagg accagtggat gaagaagtgg tgggagatga agcgggagat 2820  
 cgtggcgtg gtggagccc tgcacacga cgagacctac tgcgacccg ccagcctgtt 2880  
 ccacgtgagc aacgactact cttcatccg gtactacacc cggaccctgt accagtcca 2940  
 gttccaggag gcctgtgcc aggccgcaa gcacgaggc cccctgcaca agtgcgacat 3000

cagcaacagc accgaggccg gacagaaact gttcaacatg ctgctggctgg gcaagagcga 3060  
 gccctggacc ctggccctgg agaatgtggt gggcgccaag aacatgaatg tgcgccccct 3120  
 gctgaactac ttcgagcccc tgttcacctg gctgaaggac cagaacaaga acagcttcgt 3180  
 gggctggagc accgactgga gccctacgc cgaccagagc atcaaagtgc ggatcagcct 3240  
 gaagagcgcc ctgggcgaca aggcctacga gtggaacgac aacgagatgt acctgttccg 3300  
 gagcagcgtg gcctatgcca tgcggcagta cttcctgaaa gtgaagaacc agatgatcct 3360  
 gttcggcgag gaggacgtga gagtggccaa cctgaagccc cggatcagct tcaacttctt 3420  
  
 cgtgaccgcc cccaagaacg tgagcgacat catccccgg accgaagtgg agaaggccat 3480  
 ccgatgagc cggagccgga tcaacgacgc cttccggctg aacgacaact ccctggagtt 3540  
 cctgggcac cagccccacc tgggcctcc caaccagccc cccgtgagca tctggctgat 3600  
 cgtgtttggc gtggtgatgg gcgtgatcgt ggtgggaatc gtgatcctga tcttcaccgg 3660  
 catccgggac cggaagaaga agaacaaggc ccggagcggc gagaaccct acgccagcat 3720  
 cgatatcagc aagggcgaga acaaccccgg cttccagaac accgacgacg tgcagaccag 3780  
 cttctgataa tctagaacga gctcgaattc gaagcttctg cagacgcgtc gacgtcatat 3840  
  
 ggatccgata tcgccgtggc ggccgcacc agcgtgttca tcttcccccc ctccgacgag 3900  
 cagctgaaga gcggcaccgc cagcgtggtg tgcctgctga acaacttcta cccccgggag 3960  
 gccaaagtgc agtggaaagt ggacaacgcc ctgcagagcg gcaacagcca ggagagcgtg 4020  
 accgagcagg acagcaagga ctccacctac agcctgagca gcaccctcac cctgagcaag 4080  
 gccgactacg agaagcacia ggtgtacgcc tgcgaggtga cccaccaggg cctgagcagc 4140  
 cccgtgacca agagcttcaa ccggggcgag tgttaataga cttaaagtta aaccgctgat 4200  
 cagcctcgac tgtcccttct agttgccagc catctgttgt ttgccctcc cccgtgcctt 4260  
  
 ccttgaccct ggaaggtgcc actcccactg tcctttecta ataaaatgag gaaattgcat 4320  
 cgcatgtct gagtaggtgt cattctattc tggggggtgg ggtggggcag gacagcaagg 4380  
 gggaggattg ggaagacaat agcagggcatg ctggggatgc ggtgggctct atggcttctg 4440  
 aggcggaaag aaccagctgg ggctctaggg ggtatcecca cgcgccctgt agcggcgcat 4500  
 taagcgcggc ggggtgtggtg gttacgcgca gcgtgaccgc tacacttgcc agcgccttag 4560  
 cgcccctcc tttcgtttc ttcccttct tctcgeccac gttcgcggc tttccccgtc 4620  
 aagctctaaa tcgggggctc ccttaggggt tccgatttag tgctttacgg cacctcgacc 4680  
  
 ccaaaaaact tgattaggt gatggttac gtagtgggcc atcgcctga tagacggttt 4740  
 ttgcctctt gacgttggag tccagttct ttaatagtg actctgttc caaactggaa 4800  
 caaactcaa ccctatctcg gtctattctt ttgatttata agggattttg gccatttcgg 4860

cctattggtt aaaaaatgag ctgatttaac aaaaatttaa cgcgaaattaa ttctgtggaa 4920  
tgtgtgtcag ttaggggtgtg gaaagtcccc aggctcccca gcaggcagaa gtatgcaaag 4980  
catgcatctc aattagtcag caaccagggtg tggaaaagtcc ccaggctccc cagcaggcag 5040  
aagtatgcaa agcatgcatc tcaattagtc agcaaccata gtcccgcgcc taactccgcc 5100  
  
catcccgcgc ctaactccgc ccagttccgc ccattctccg ccccatggct gactaatttt 5160  
ttttatttat gcagaggccg aggcgcctc tgcctctgag ctattccaga agtagtgagg 5220  
aggctttttt ggaggcctag gcttttgcaa aaagctcccg ggagcttgta tatccatttt 5280  
cggatctgat cagcacgtga tgaaaaagcc tgaactcacc gcgacgtctg tcgagaagtt 5340  
tctgatcgaa aagttcgaca gcgtctccga cctgatgcag ctctcggagg gcgaagaatc 5400  
tcgtgctttc agcttcgatg taggagggcg tggatatgtc ctgcgggtaa atagctgcgc 5460  
cgatggtttc tacaagatc gttatgttta tcggcacttt gcatcggccg cgctcccgat 5520  
  
tccggaagtg ctigacattg gggaattcag cgagagcctg acctattgca tctcccgcgc 5580  
tgcacagggt gtcacgttgc aagacctgcc tgaaacgaa ctgcccgtg ttctgcagcc 5640  
ggtcgcggag gccatggatg cgatcgctgc ggccgatctt agccagacga gcgggttcgg 5700  
cccatcggga ccacaaggaa tcggtcaata cactacatgg cgtgatattca tatgcgcgat 5760  
tgctgatccc catgtgtatc actggcaaac tgtgatggac gacacctca gtgcgtccgt 5820  
cgcgaggct ctcgatgagc tgatgctttg ggccgaggac tgccccgaag tccggcacct 5880  
cgtgcacgcg gatttcggct ccaacaatgt cctgacggac aatggccgca taacagcgg 5940  
  
cattgactgg agcgaggcga tgttcgggga ttccaatac gaggtcgcca acatcttctt 6000  
ctggaggccg tggttggctt gtatggagca gcagacgcgc tacttcgagc ggaggcatcc 6060  
ggagcttgca ggatcgcgcg ggctccgggc gtatatgtc cgcatgtgtc ttgaccaact 6120  
ctatcagagc ttggttgacg gcaatttcga tgatgcagct tggcgcagg gtcgatcgca 6180  
cgcaatcgtc cgatccggag ccgggactgt cgggcgtaca caaatcgccc gcagaagcgc 6240  
ggcctctgg accgatggct gtgtagaagt actcgcgat agtggaacc gacgcccag 6300  
cactcgtccg agggcaaagg aatagcacgt gctacgagat ttcgattcca ccgcccctt 6360  
  
ctatgaaagg ttggcttcg gaatcgtttt cgggacgcc ggctggatga tcctccagcg 6420  
cggggatctc atgctggagt tcttcgcca cccaacttg tttattgcag ctataaatg 6480  
ttacaaataa agcaatagca tcacaaattt cacaaataa gcattttttt cactgcattc 6540  
tagttgtggt ttgtccaac tcatcaatgt atcttatcat gtctgtatac cgtcgacctc 6600  
tagctagagc ttggcgtaat catggtcata gctgtttcct gtgtgaaatt gttatccgct 6660  
cacaattcca cacaacatac gagccggaag cataaagtgt aaagcctggg gtgcctaatg 6720

agtgagctaa ctcacattaa ttgcgttgcg ctcaactgccc gctttccagt cgggaaacct 6780  
  
 gtcgtgccag ctgcattaat gaatcgcca acgcgcgggg agaggcggtt tgcgtattgg 6840  
 gcgctcttcc gcttctctgc tcaactgactc getgcgetcg gtcgttcggc tgcggcgagc 6900  
 ggatcagct cactcaaagg cggtaatacg gttatccaca gaatcagggg ataacgcagg 6960  
 aaagaacatg tgagcaaaag gccagcaaaa ggccaggaac cgtaaaaagg ccgcgttgct 7020  
 ggcgtttttc cataggctcc gccccctga cgagcatcac aaaaatcgac getcaagtca 7080  
 gaggtggcga aaccgcagag gactataaag ataccaggcg tttccccctg gaagctccct 7140  
 cgtgcgctct cctgttccga cctgcccgt taccggatac ctgtccgct ttctcccttc 7200  
  
 ggaagcgtg gcgctttctc atagctcacg ctgtaggtat ctcaattcgg ttaggtcgt 7260  
 tcgctccaag ctgggctgtg tgcacgaacc cccgcttcag cccgaccgct gcgccttacc 7320  
 cgtaactat cgtcttgagt ccaaccgggt aagacacgac ttatcgccac tggcagcagc 7380  
 cactgtaac aggattagca gagcagggt ttaggcgggt gctacagagt tcttgaagtg 7440  
 gtggcctaac tacggctaca ctagaagaac agtatttggg atctgcgctc tgctgaagcc 7500  
 agttaccttc ggaaaaagag ttggtagctc ttgatccggc aaacaacca ccgctggtag 7560  
 cggttttttt gtttgaagc agcagattac gcgcagaaaa aaaggatctc aagaagatcc 7620  
  
 tttgatcttt tctacggggt ctgacgctca gtggaacgaa aactcacgtt aagggtttt 7680  
 ggtcatgaga ttatcaaaaa ggatcttcac ctgatcctt ttaaattaa aatgaagttt 7740  
 taaatcaate taaagtatat atgagtaaac ttggtctgac agttaccaat gcttaatcag 7800  
 tgaggcacct atctcagcga tctgtctatt tcgttccatcc atagtgcct gactccccgt 7860  
 cgtgtagata actacgatac gggagggctt accatctggc cccagtgtg caatgatacc 7920  
 gcgagacca cgtcaccgg ctccagattt atcagcaata aaccagccag ccggaagggc 7980  
 cgagcgcaga agtggctctg caactttatc cgcctccatc cagtctatta attgttgcg 8040  
  
 ggaagctaga gtaagtagtt cgccagttaa tagtttgcgc aacgttgtt ccatgtctac 8100  
 aggcacgtg gtgtcacgct cgtcgtttgg tatggcttca ttcagctccg gttcccaacg 8160  
 atcaaggcga gttacatgat cccccatgtt gtgcaaaaaa gcggttagct ccttcggctc 8220  
 tccgatcgtt gtcagaagta agttggccgc agtgttatca ctcatggtta tggcagcact 8280  
 gcataattct cttactgtca tgccatccgt aagatgcttt tctgtgactg gtgagtactc 8340  
 aaccaagtca ttctgagaat agtgiatgcg gcgaccgagt tgctcttgcc cggcgtcaat 8400  
 acgggataat accgcgccac atagcagaac tttaaaagtg ctcatcattg gaaaacgttc 8460



ttcggggcga aaactctcaa ggatcttacc gctgttgaga tccagttcga tgtaaccac 8520  
 tcgtgcacc aactgatctt cagcatcttt tactttcacc agcgtttctg ggtgagcaaa 8580  
 aacaggaagg caaaatgccg caaaaaaggg aataaggcg acacggaat gttgaatact 8640  
 catactcttc ctttttcaat attattgaag catttatcag ggttattgtc tcatgagcgg 8700  
 atacatattt gaatgtattt agaaaataa acaaataggg gttccgcgca catttccccg 8760  
 aaaagtgcc cctgacg 8777

<210> 129

<211> 8792

<212> DNA

<213> Artificial sequence

<220><223> Vector pIg-C910-Clambda

<220><221> misc\_feature

<222> (1330)..(3869)

<223>

<400> 129

tcgacggatc gggagatctc ccgatcccct atggtgcact ctcaagtaca tctgctctga 60  
 tgccgcatag ttaagccagt atctgctccc tgccttgtgtg ttggaggctg ctgagtagtg 120  
 cgcgagcaaa atttaagcta caacaaggca aggcttgacc gacaattggt aattaacatg 180  
 aagaatctgc ttagggttag gcgttttgcg ctgcttcgct aggtggtcaa tattggccat 240  
 tagccatatt attcattggt tatatagcat aaatcaatat tggetattgg ccattgcata 300  
 cgtttgatcc atatcataat atgtacattt atattggctc atgtccaaca ttaccgcat 360  
  
 gttgacattg attattgact agttattaat agtaatcaat tacggggtca ttagttcata 420  
 gccatataat ggagttccgc gttacataac ttacggtaaa tggccccct ggctgaccgc 480  
 ccaacgacce ccgccattg acgtcaataa tgacgtatgt tcccatagta acgccaatag 540  
 ggactttcca ttgacgtcaa tgggtggagt atttacggta aactgccac ttggcagtac 600  
 atcaagtgtg tcatatgcca agtaccccc ctattgacgt caatgacggt aaatggcccc 660  
 cctggcatta tgcccagtac atgacctat gggactttcc tacttggcag tacatctacg 720  
 tattagtcat cgetattacc atggtgatgc ggttttggca gtacatcaat gggcgtggat 780  
  
 agcggtttga ctacgggga tttccaagtc tccacccat tgacgtcaat gggagtttgt 840  
 tttggcacca aaatcaacgg gactttccaa aatgtcgtaa caactccgcc ccattgacgc 900  
 aaatggcgg taggcgtgta cgggtggagg tctatataag cagagctcgt ttagtgaacc 960  
 gtcagatcgc ctggagacgc catccacgct gttttgacct ccatagaaga caccgggacc 1020

gatccagcct ccgcgccgg gaacggtgca ttggaatcga tgactctctt aggtagcctt 1080  
gcagaagtgg gtcgtgaggc actgggcagg taagtatcaa ggttacaaga caggtttaag 1140  
gagatcaata gaaactgggc ttgtcgagac agagaagact cttgcgtttc tgataggcac 1200  
  
ctattggtct tactgacatc cactttgcct ttctctccac aggtgtccac tcccagtcca 1260  
attacagctc gccaccatgc ggttctccgc tcagctgctg ggccttctgg tgctgtggat 1320  
tcccggcgtc tegagatcta tcgatgcatg ccatggtacc aagcttgcca ccatgagcag 1380  
cagctcttgg ctgctgctga gcctgggtggc cgtgacagcc gccagagca ccatcgagga 1440  
gcaggccaag accttctgg acaagttaa ccacgaggcc gaggacctgt tctaccagag 1500  
cagcctggcc agctggaact acaacaccaa catcacccag gagaacgtgc agaacatgaa 1560  
caacccggc gacaagtgga ggccttctt gaaggagcag agcacactgg cccagatgta 1620  
  
ccccctgcag gagateccaga acctgaccgt gaagctgcag ctgcaggccc tgcagcagaa 1680  
cggcagcagc gtgctgagcg aggacaagag caagcggctg aacaccatcc tgaacacat 1740  
gtccaccatc tacagcaccg gcaaagtgtg caaccccgac aacccccagg agtgcctgct 1800  
gctggagccc ggctgaacg agatcatggc caacagcctg gactacaacg agcggctgtg 1860  
ggcctgggag agctggcgga gcgaagtggg caagcagctg cggcccctgt acgaggagta 1920  
cgtggtgctg aagaacgaga tggccagggc caaccactac gaggactacg gcgactactg 1980  
gagaggcgac tacgaagtga acggcgtgga cggctacgac tacagcagag gccagctgat 2040  
  
cgaggacgtg gacacacct tcgaggagat caagcctctg tacgagcacc tgcacgccta 2100  
cgtgcgggccc aagctgatga acgctaccc cagctacatc agcccatcg getgectgcc 2160  
cgcccacctg ctggcgaca tgtggggccg gttctggacc aacctgtaca gcctgaccgt 2220  
gccttctggc cagaagccca acatcgacgt gaccgacgcc atggtggacc aggcctggga 2280  
cgcccagcgg atcttcaagg aggccgagaa gttcttctgt agcgtgggccc tgcccaacat 2340  
gacccagggc ttttgggaga acagcatgct gaccgacccc ggcaatgtgc agaaggccgt 2400  
gtgccacccc accgctggg acctgggcaa gggcgacttc cggatcctga tgtgcaccaa 2460  
  
agtgaccatg gacgacttcc tgaccgcca ccacgagatg ggccacatcc agtacgacat 2520  
ggcctacgcc gccagccct tcctgctgcg gaacggcgcc aacgaggct ttcacgagc 2580  
cgtggcgag atcatgagcc tgagcgccgc ccccccaag cacctgaaga gcatcgccct 2640  
gctgagcccc gacttccagg aggacaacga gaccgagatc aacttctgc tgaagcaggc 2700  
cctgaccatc gtgggcaccc tgcccttca cfacatgctg gagaagtggc ggtggatggt 2760  
gtttaagggc gagatccca aggaccagtg gatgaagaag tgggtgggaga tgaagcggga 2820

gatcgtgggc gtggtggagc ccgtgccccca cgacgagacc tactgcgacc cgccagcct 2880  
  
gttccacgtg agcaacgact actccttcat cgggtactac acccggacce tgtaccagtt 2940  
ccagttccag gaggccctgt gccaggccgc caagcacgag ggccccctgc acaagtgcga 3000  
catcagcaac agcaccgagg ccggacagaa actgttcaac atgctgcggc tgggcaagag 3060  
cgagccctgg accctggccc tggagaatgt ggtgggcgcc aagaacatga atgtgcgcc 3120  
cctgctgaac tacttcgagc ccctgttcaac ctggctgaag gaccagaaca agaacagctt 3180  
cgtgggctgg agcaccgact ggagccccta cgccgaccag agcatcaaag tgcggatcag 3240  
cctgaagagc gccctgggcg acaaggccta cgagtggaac gacaacgaga tgtacctgtt 3300  
  
ccggagcagc gtggcctatg ccatgctgca gtacttcctg aaagtgaaga accagatgat 3360  
cctgttcggc gaggaggacg tgagagtggc caacctgaag ccccgatca gcttcaactt 3420  
cttcgtgacc gcccccaaga acgtgagcga catcatcccc cggaccgaag tggagaaggc 3480  
catccggatg agccggagcc ggatcaacga cgccttcgg ctgaacgaca actccctgga 3540  
gttctgggc atccagccca ccctgggccc tcccaaccag cccccgtga gcatttggt 3600  
gatcgtgttt ggctgtgta tgggctgat cgtggtggga atcgtgatcc tgatcttcaac 3660  
cggcatccgg gaccggaaga agaagaaca ggcccggagc ggcgagaacc cctacccag 3720  
  
catcgatatic agcaagggcg agaacaacce cggcttcag aacaccgacg acgtgcagac 3780  
cagcttctga taatctagaa cgagctcga ttcgaagctt ctgcagacgc gtcgacgtca 3840  
tatggatccg atatcgccgt ggcggccgca ggccagccca aggccctcc cagcgtgacc 3900  
ctgttcccc cctcctccga ggagctgcag gccaacaagg ccaccctggt gtgcctcatc 3960  
agcgacttct accctggcgc cgtgaccgtg gcctggaagg ccgacagcag ccccgagaag 4020  
gccggctgg agaccaccac cccagcaag cagagcaaca acaagtacgc cgccagcagc 4080  
tacctgagcc tcacccccga gcagtggaag agccaccgga gctacagctg ccaggtgacc 4140  
  
cacgagggca gcaccgtgga gaagaccgtg gccccaccg agtgcagcta atagacttaa 4200  
gtttaaaccg ctgatcagcc tcgactgtgc ctctagtgtg ccagccatct gttgtttgcc 4260  
cctccccctg gccttccttg accctggaag gtgccactcc cactgtcctt tcctaataaa 4320  
atgaggaaat tgcatcgcat tgtctgagta ggtgtcattc tattctgggg ggtggggtgg 4380  
ggcaggacag caagggggag gattgggaag acaatagcag gcatgctggg gatgcggtgg 4440  
gctctatggc ttctgaggcg gaaagaacca gctggggctc tagggggtat cccacgcgc 4500  
cctgtagcgg cgcattaagc gcggcgggtg tgggtgttac ggcagcgtg accgctacac 4560

ttgccagcgc cctiagcgcgc gctcctttcg ctttcttccc ttcctttctc gccacgttcg 4620  
 ccggctttcc ccgtcaagct ctaaatcggg ggctcccttt agggttccga tttagtctt 4680  
 tacggcacct cgaccccaaa aaacttgatt agggatgatg ttcacgtagt gggccatcgc 4740  
 cctgatagac ggtttttcgc cctttgacgt tggagtccac gttctttaat agtggactct 4800  
 tgttccaaac tggacaaca ctcaacctc tctcgtcta ttcctttgat ttataagga 4860  
 ttttgccat ttcggcctat tggtaaaaa atgagctgat ttaacaaaa ttaacgcga 4920  
 attaattctg tggaatgtgt gtcagttagg gtgtggaag tcccaggct cccagcagg 4980  
  
 cagaagtatg caaagcatgc atctcaatta gtcagcaacc aggtgtgga agtccccagg 5040  
 ctccccagca ggcagaagta tgcaaagcat gcatctcaat tagtcagca ccatagtccc 5100  
 gccctaact ccgccatcc cgccctaac tccgccagt tccgccatt ctccgcccc 5160  
 tggctgacta attttttta tttatgcaga ggcgaggcc gcctctgcct ctgagctatt 5220  
 ccagaagtag tgaggaggct tttttggagg cctaggcttt tgcaaaaagc tcccgggagc 5280  
 ttgtatatcc attttcggat ctgatcagca cgtgatgaaa aagcctgaac tcaccgcgac 5340  
 gtctgtcgag aagtttctga tcgaaaagt cgacagcgtc tccgacctga tgcagctctc 5400  
  
 ggaggcgaa gaatctctg ctttcagctt cgatgtagga gggcgtggat atgtcctgcg 5460  
 ggtaaatagc tgcgccgatg gtttctacia agatcgttat gtttatcggc actttgcatc 5520  
 ggcccgctc ccgattccgg aagtgttga cattggggaa ttcagcgaga gcctgacct 5580  
 ttgcatctcc cgccgtgac aggggtgtc gttgcaagac ctgcctgaaa ccgaactgcc 5640  
 cgctgttctg cagccggtcg cggaggccat ggatgcgac gctgcggccg atcttagcca 5700  
 gacgagcggg ttcggccat tcggaccgca aggaatcgg caatacacta catggcgtga 5760  
 tttcatatgc gcgattgctg atccccatgt gtatcactgg caaactgtga tggacgacac 5820  
  
 cgtcagtgcg tccgtcgcgc aggtctctga tgagctgatg ctttgggccc aggactgccc 5880  
 cgaagtcggg cactcgtgc acgcggattt cggctccaac aatgtcctga cggacaatgg 5940  
 ccgcataaca gcggtcattg actggagcga ggcgatgttc ggggattccc aatacagagt 6000  
 cgccaacatc ttcttctgga ggccgtggtt ggcttgtatg gagcagcaga cgcgctactt 6060  
 cgagcggagg catccggagc ttgcaggatc gccgcggctc cggcgtata tgctccgat 6120  
 tggcttgac caactctatc agagcttgg tgcaggcaat ttcgatgatg cagcttgggc 6180  
 gcagggtcga tgcagcga tcgtccgatc cggagccggg actgtcgggc gtacacaaat 6240  
  
 cgcccgcaga agcgcggccg tctggaccga tgctgtgta gaagtactcg ccgatagtgg 6300  
 aaaccgacgc cccagcactc gtccgagggc aaaggaatag cacgtgctac gagatttcca 6360  
 ttccaccgcc gccttctatg aaagttggg cttcggaatc gttttccggg acgccggctg 6420

gatgatcctc cagcgcgggg atctcatgct ggagttcttc gcccaccca acttgtttat 6480  
tgcagcttat aatggttaca aataaagcaa tagcatcaca aatttcacaa ataaagcatt 6540  
tttttactg cattctagtt gtgggttgtc caaactcadc aatgtatctt atcatgtctg 6600  
tataccgtcg acctctagct agagcttggc gtaatcatgg tcatagctgt ttctgtgtg 6660  
  
aaattgttat ccgtcacaa ttccacacaa catacgagcc ggaagcataa agtgtaaagc 6720  
ctgggggtgcc taatgagtga gctaactcac attaatgcg ttgcgctcac tgcccgttt 6780  
ccagtcggga aacctgtcgt gccagctgca ttaatgaatc ggccaacgcg cggggagagg 6840  
cggtttgcgt attgggcgct cttccgcttc ctgctcact gactcgctgc gctcggctgt 6900  
tcggctgagg cgagcgggat cagctcactc aaaggcggta atacggttat ccacagaatc 6960  
aggggataac gcaggaaaga acatgtgagc aaaaggccag caaaaggcca ggaaccgtaa 7020  
aaaggccgcg ttgctggcgt ttttccatag gctccgcccc cctgacgagc atcacaaaaa 7080  
  
tcgacgctca agtcagaggt ggcgaaacc gacaggacta taaagatacc aggcgtttcc 7140  
ccctggaage tcctctgtc gctctcctgt tccgacctg ccgcttaccg gatacctgtc 7200  
cgcttttctc ctttcgggaa gcgtggcgtt ttctcatagc tcacgctgta ggtatctcag 7260  
ttcgggtgtag gtcgttcgct ccaagctggg ctgtgtgcac gaacccccg ttcagcccga 7320  
ccgctgcgcc ttatccggtg actatcgtct tgagtccaac ccggtlaagc acgacttacc 7380  
gccactggca gcagccactg gtaacaggat tagcagagcg aggtatgtag gcggtgctac 7440  
agagtctctg aagtgggtgc ctaactacgg ctacactaga agaacagtat ttggtatctg 7500  
  
cgctctgctg aagccagtta ccttcggaaa aagagttggt agctcttgat ccggcaaaaca 7560  
aaccaccgct ggiagcgggt tttttgtttg caagcagcag attacgcgca gaaaaaagg 7620  
atctcaagaa gatcctttga tcttttctac ggggtctgac gctcagtga acgaaaactc 7680  
acgttaaggg attttggtca tgagattacc aaaaaggatc ttcacctaga tctttttaa 7740  
ttaaaaatga agttttaat caatctaaag tatatatgag taaacttggc ctgacagtta 7800  
ccaatgctta atcagtgagg cacctatctc agcgatctgt ctatttcgtt catccatagt 7860  
tgctgactc cccgtctgtg agataactac gatacgggag ggcttaccat ctggccccag 7920  
  
tgctgcaatg ataccgcgag acccacgctc accggctcca gatttatcag caataaacca 7980  
gccagccgga agggccgagc gcagaagtgg tctgcaact ttatccgct ccatccagtc 8040  
tattaattgt tgccgggaag ctagagtaag tagttcgcca gttaatagtt tgcgcaacgt 8100  
tgttgccatt gctacaggca tcgtgggtgc acgctcgtcg tttggtatgg cttcattcag 8160  
ctccggttcc caacgatcaa ggcgagttac atgatcccc atgttgtgca aaaaagcgg 8220  
tagctccttc ggtcctccga tcgttgtcag aagtaagttg gccgcagtgt taccactcat 8280

ggttatggca gcactgcata attctcttac tgcatgccca tccgtaagat gcttttctgt 8340

gactggtgag tactcaacca agtcattctg agaatagtgt atgcggcgac cgagttgctc 8400

ttgcccgcg tcaatacggg ataatacgc gccacatagc agaactttaa aagtgetcat 8460

cattggaaaa cgttcttcgg ggcgaaaact ccaaggatc ttaccgctgt tgagatccag 8520

ttcgatgtaa cccactcgtg cacccaactg atcttcagca tcttttactt tcaccagcgt 8580

ttctgggtga gcaaaaacag gaaggcaaaa tgccgcaaaa aaggaataa gggcgacacg 8640

gaaatgttga atactcatac tcttcctttt tcaatattat tgaagcattt atcagggtta 8700

ttgtctcatg agcggataca tatttgaatg tatttagaaa aataaaciaa taggggttcc 8760

gcgcacattt cccgaaaag tgccacctga cg 8792

<210> 130

<211> 23

<212> DNA

<213> Artificial sequence

<220><223> HuVL1A-Back

<400> 130

cagtctgtgc tgactcagcc acc 23

<210> 131

<211> 23

<212> DNA

<213> Artificial sequence

<220><223> HuVL1B-Back

<400> 131

cagtctgtgy tgacgcagcc gcc 23

<210> 132

<211> 23

<212> DNA

<213> Artificial sequence

<220><223>

> HuVL1C-Back

<400> 132

cagtctgtcg tgacgcagcc gcc 23

<210> 133

<211> 20

<212> DNA  
 <213> Artificial sequence  
 <220><223> HuVL2B-Back  
 <400> 133  
 cagtctgccc tgactcagcc 20  
 <210> 134  
 <211> 23  
 <212> DNA  
 <213> Artificial sequence  
 <220><223> HuVL3A-Back  
 <400> 134  
 tcctatgwgc tgactcagcc acc 23  
 <210> 135  
 <211> 23  
 <212> DNA  
 <213> Artificial sequence  
  
 <220><223> HuVL3B-Back  
 <400> 135  
 tcttctgagc tgactcagga ccc 23  
 <210> 136  
 <211> 20  
 <212> DNA  
 <213> Artificial sequence  
 <220><223> HuVL4B-Back  
 <400> 136  
 cagcytgtgc tgactcaatc 20  
 <210> 137  
 <211> 23  
 <212> DNA  
 <213> Artificial sequence  
 <220><223> HuVL5-Back  
 <400> 137  
 caggctgtgc tgactcagcc gtc 23  
 <210> 138

<211> 23  
 <212> DNA

<213> Artificial sequence  
 <220><223> HuVL6-Back  
 <400> 138  
 aatztatgc tgactcagcc cca 23  
 <210> 139  
 <211> 23  
 <212> DNA  
 <213> Artificial sequence  
 <220><223> HuVL7/8-Back  
 <400> 139  
 cagrctgtgg tgacycagga gcc 23  
 <210> 140  
 <211> 23  
 <212> DNA  
 <213> Artificial sequence  
 <220><223> HuVL9-Back  
 <400> 140  
 cwgcctgtgc tgactcagcc mcc 23  
 <210> 141

<211> 18  
 <212> DNA  
 <213> Artificial sequence  
 <220><223> HuVL10-Back  
 <400> 141  
 caggcagggc tgactcag 18  
 <210> 142  
 <211> 23  
 <212> DNA  
 <213> Artificial sequence  
 <220><223> HuVK1B-Back  
 <400> 142



gacatccagw tgacccagtc tcc 23

<210> 143

<211> 23

<212> DNA

<213> Artificial sequence

<220><223> HuVK2-Back

<400> 143

gatgttgtga tgactcagtc tcc 23

<210> 144

<211> 23

<212> DNA

<213> Artificial sequence

<220><223> HuVK2B2

<400> 144

gatattgtga tgacccagac tcc 23

<210> 145

<211> 23

<212> DNA

<213> Artificial sequence

<220><223> HuVK3B-Back

<400> 145

gaaattgtgw tgacrcagtc tcc 23

<210> 146

<211> 23

<212> DNA

<213> Artificial sequence

<220><223> HuVK5-Back

<400> 146

gaaacgacac tcacgcagtc tcc 23

<210> 147

<211> 23

<212> DNA

<213> Artificial sequence

<220><223> HuVK6-Back  
 <400> 147  
 gaaattgtgc tgactcagtc tcc 23  
 <210> 148  
 <211> 41  
 <212> DNA  
 <213> Artificial sequence  
 <220><223> HuVK1B-Back-SAL  
 <400> 148  
 tgagcacaca ggtcgacgga catccagwtg acccagtctc c 41  
 <210> 149  
 <211> 41  
 <212> DNA  
 <213> Artificial sequence  
 <220><223> HuVK2-Back-SAL  
 <400> 149  
 tgagcacaca ggtcgacgga tgttgtgatg actcagtctc c 41  
 <210> 150  
 <211> 41  
 <212> DNA  
 <213> Artificial sequence  
 <220><223> HuVK2B2-SAL  
 <400> 150  
 tgagcacaca ggtcgacgga tattgtgatg acccagactc c 41  
 <210> 151  
 <211> 41  
 <212> DNA  
 <213> Artificial sequence  
 <220><223> HuVK3B-Back-SAL  
 <400> 151  
 tgagcacaca ggtcgacgga aattgtgwtg acrcagtctc c 41  
 <210> 152  
 <211> 41  
 <212> DNA

<213> Artificial sequence  
 <220><223> HuVK5-Back-SAL  
 <400> 152  
 tgagcacaca ggtcgacgga aacgacactc acgcagtctc c 41

<210> 153  
 <211> 41  
 <212> DNA  
 <213> Artificial sequence  
 <220><223> HuVK6-Back-SAL  
 <400> 153  
 tgagcacaca ggtcgacgga aattgtgctg actcagtctc c 41

<210> 154  
 <211> 48  
 <212> DNA  
 <213> Artificial sequence  
 <220><223> HuJK1-FOR-NOT  
 <400> 154  
 gagtcattct cgacttgagg cgcacggtt gattccacc ttgtccc 48

<210> 155  
 <211> 48  
 <212> DNA  
 <213> Artificial sequence  
 <220><223> HuJK2-FOR-NOT  
 <400> 155  
 gagtcattct cgacttgagg cgcacggtt gatctccagc ttgtccc 48

<210> 156  
 <211> 48  
 <212> DNA  
 <213> Artificial sequence  
 <220><223> HuJK3-FOR-NOT  
 <400> 156  
 gagtcattct cgacttgagg cgcacggtt gatatccact ttgtccc 48

<210> 157

<211> 47  
 <212> DNA  
 <213> Artificial sequence  
 <220><223> HuJK4-FOR-NOT  
 <400> 157  
 gagtcattct cgacttgagg cgcacgtttg atctccacct tgggtccc 47  
 <210> 158  
 <211> 48  
 <212> DNA  
 <213> Artificial sequence  
 <220><223> HuJK5-FOR-NOT  
 <400> 158  
 gagtcattct cgacttgagg cgcacgtttt aatctccagt cgtgtccc 48

<210> 159  
 <211> 41  
 <212> DNA  
 <213> Artificial sequence  
 <220><223> HuVL1A-Back-SAL  
 <400> 159  
 tgagcacaca ggtcgagcga gtctgtgctg actcagccac c 41  
 <210> 160  
 <211> 41  
 <212> DNA  
 <213> Artificial sequence  
 <220><223> HuVL1B-Back-SAL  
 <400> 160  
 tgagcacaca ggtcgagcga gtctgtgtyg acgcagccgc c 41  
 <210> 161  
 <211> 41  
 <212> DNA  
 <213> Artificial sequence  
 <220><223> HuVL1C-Back-SAL  
 <400> 161

tgagcacaca ggtcgacgca gtctgtcgtg acgcagccgc c 41

<210> 162  
 <211> 38  
 <212> DNA  
 <213> Artificial sequence  
 <220><223> HuVL2B-Back-SAL  
 <400> 162

tgagcacaca ggtcgacgca gtctgccctg actcagcc 38

<210> 163  
 <211> 41  
 <212> DNA  
 <213> Artificial sequence  
 <220><223> HuVL3A-Back-SAL  
 <400> 163

tgagcacaca ggtcgacgtc ctatgwgtg actcagccac c 41

<210> 164  
 <211> 41  
 <212> DNA  
 <213> Artificial sequence  
 <220><223> HuVL3B-Back-SAL  
 <400> 164

tgagcacaca ggtcgacgtc ttctgagctg actcaggacc c 41

<210> 165  
 <211> 38  
 <212> DNA  
 <213> Artificial sequence  
 <220><223> HuVL4B-Back-SAL  
 <400> 165

tgagcacaca ggtcgacgca gcytgtgctg actcaatc 38

<210> 166  
 <211> 41  
 <212> DNA  
 <213> Artificial sequence

<220><223> HuVL5-Back-SAL  
 <400> 166  
 tgagcacaca ggtcgacgca ggctgtgctg actcagccgt c 41  
 <210> 167  
 <211> 41  
 <212> DNA  
 <213> Artificial sequence  
 <220><223> HuVL6-Back-SAL  
 <400> 167  
 tgagcacaca ggtcgacgaa ttttatgctg actcagcccc a 41  
 <210> 168  
 <211> 41  
 <212> DNA  
 <213> Artificial sequence  
 <220><223> HuVL7/8-Back-SAL  
 <400> 168  
 tgagcacaca ggtcgacgca grctgtgggtg acycaggagc c 41  
 <210> 169  
 <211> 41  
 <212> DNA  
 <213> Artificial sequence  
 <220><223> HuVL9-Back-SAL  
 <400> 169  
 tgagcacaca ggtcgacgcw gcctgtgctg actcagccmc c 41  
 <210> 170  
 <211> 36  
 <212> DNA  
 <213> Artificial sequence  
 <220><223> HuVL10-Back-SAL  
 <400> 170  
 tgagcacaca ggtcgacgca ggcagggctg actcag 36  
 <210> 171  
 <211> 48

<212> DNA  
 <213> Artificial sequence  
 <220><223> HuJL1-FOR-NOT  
 <400> 171  
 gagtcattct cgacttgcgg cgcacctag gacggtgacc ttggtccc 48  
 <210> 172  
 <211> 48  
 <212> DNA  
 <213> Artificial sequence  
 <220><223> HuJL2/3-FOR-NOT  
 <400> 172  
 gagtcattct cgacttgcgg cgcacctag gacggtcagc ttggtccc 48  
 <210> 173  
 <211> 48  
 <212> DNA  
 <213> Artificial sequence  
 <220><223> HuJL7-FOR-NOT  
 <400> 173  
 gagtcattct cgacttgcgg cgcaccgag gacggtcagc tgggtgcc 48  
  
 <210> 174  
 <211> 23  
 <212> DNA  
 <213> Artificial sequence  
 <220><223> HuVH1B/7A-Back  
 <400> 174  
 cagrtgcagc tggtgcartc tgg 23  
 <210> 175  
 <211> 23  
 <212> DNA  
 <213> Artificial sequence  
 <220><223> HuVH1C-Back  
 <400> 175  
 saggtccagc tggtrcagtc tgg 23  
 <210> 176

<211> 23  
 <212> DNA  
 <213> Artificial sequence  
 <220><223> HuVH2B-Back  
 <400> 176  
 cagrtcacct tgaaggagtc tgg 23

<210> 177  
 <211> 18  
 <212> DNA  
 <213> Artificial sequence  
 <220><223> HuVH3A-Back  
 <400> 177  
 gaggtgcagc tggaggag 18

<210> 178  
 <211> 23  
 <212> DNA  
 <213> Artificial sequence  
 <220><223> HuVH3C-Back  
 <400> 178  
 gaggtgcagc tggaggagwc ygg 23

<210> 179  
 <211> 23  
 <212> DNA  
 <213> Artificial sequence  
 <220><223> HuVH4B-Back  
 <400> 179  
 caggtgcagc tacagcagtg ggg 23

<210> 180  
 <211> 23  
 <212> DNA  
 <213> Artificial sequence  
 <220><223> HuVH4C-Back  
 <400> 180



cagstgcagc tgcaggagtc sgg 23

<210> 181

<211> 23

<212> DNA

<213> Artificial sequence

<220><223> HuVH6A-Back

<400> 181

caggtacagc tgcagcagtc agg 23

<210> 182

<211> 56

<212> DNA

<213> Artificial sequence

<220><223> HuVH1B/7A-Back-Sfi

<400> 182

gtcctcgcaa ctgcggccca gccggccatg gcccagrtgc agctgggtgca rtctgg 56

<210> 183

<211> 56

<212> DNA

<213> Artificial sequence

<220><223> HuVH1C-Back-Sfi

<400> 183

gtcctcgcaa ctgcggccca gccggccatg gccsaggtcc agctggtrca gtctgg 56

<210> 184

<211> 56

<212> DNA

<213> Artificial sequence

<220><223> HuVH2B-Back-Sfi

<400> 184

gtcctcgcaa ctgcggccca gccggccatg gcccagrtca ccttgaagga gtctgg 56

<210> 185

<211> 51

<212> DNA

<213> Artificial sequence

<220><223> HuVH3A-Back-Sfi

<400> 185  
 gtctctgcaa ctgcggccca gccggccatg gccgaggtgc agctggtgga g 51

<210> 186

<211> 56

<212> DNA

<213> Artificial sequence

<220><223> HuVH3C-Back-Sfi

<400> 186

gtctctgcaa ctgcggccca gccggccatg gccgaggtgc agctggtgga gwcyyg 56

<210> 187

<211> 56

<212> DNA

<213> Artificial sequence

<220><223> HuVH4B-Back-Sfi

<400> 187

gtctctgcaa ctgcggccca gccggccatg gccaggtgc agctacagca gtgggg 56

<210> 188

<211> 56

<212> DNA

<213> Artificial sequence

<220><223> HuVH4C-Back-Sfi

<400> 188

gtctctgcaa ctgcggccca gccggccatg gccagstgc agctgcagga gtcsgg 56

<210> 189

<211> 56

<212> DNA

<213> Artificial sequence

<220><223> HuVH6A-Back-Sfi

<400> 189

gtctctgcaa ctgcggccca gccggccatg gccaggtac agctgcagca gtcagg 56

<210> 190

<211> 36

<212> DNA

<213> Artificial sequence  
 <220><223> HuJH1/2-FOR-XhoIB  
 <400> 190  
 gagtcattct cgactcgaga crgtgaccag ggtgcc 36  
 <210> 191  
 <211> 36  
 <212> DNA  
 <213> Artificial sequence  
 <220><223> HuJH3-FOR-Xho  
 <400> 191  
 gagtcattct cgactcgaga cggtgaccat tgtccc 36  
 <210> 192  
 <211> 36  
 <212> DNA  
 <213> Artificial sequence  
 <220><223> HuJH4/5-FOR-Xho  
 <400> 192  
 gagtcattct cgactcgaga cggtgaccag ggtccc 36  
 <210> 193  
 <211> 36  
 <212> DNA  
 <213> Artificial sequence  
 <220><223> HuJH6-FOR-Xho  
 <400> 193  
 gagtcattct cgactcgaga cggtgaccgt ggtccc 36  
 <210> 194  
 <211> 5  
 <212> PRT  
 <213> Homo sapiens  
 <400> 194  
 Ser Asn Ser Met Asn  
 1 5  
 <210> 195  
 <211> 17

<212

> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 195

Phe Ile Ser Ser Ser Ser Thr Tyr Ile Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys

1                    5                    10                    15

Gly

<210> 196

<211> 13

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 196

Glu Ser Ala Ala Gly Ile Ser Tyr Asp Ala Phe Asp Ile

1                    5                    10

<210> 197

<211> 14

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 197

Thr Gly Thr Ser Ser Asp Val Gly Gly Tyr Lys Tyr Val Ser

1                    5                    10

<210> 198

<211> 7

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 198

Glu Val Ser Asn Arg Pro Ser

1                    5

<210> 199

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 199

Ser Ser Tyr Thr Ser Ser Ser Thr Leu Gly Val

1                    5                    10

<210> 200

<211> 5

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 200

Ser Tyr Ser Met Asn

1                    5

<210> 201

<211> 17

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 201

Phe Ile Ser Ser Ser Ser Ser Thr Ile Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys

1                    5                    10                    15

Gly

<210> 202

<211> 14

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 202

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

1                    5                    10

<210> 203

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 203

Gly Gly Asn Asn Ile Gly Ser Lys Tyr Val His

1                    5                    10

<210> 204

<211> 7

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 204

Asp Asp Ser Asp Arg Pro Ser

1 5

<210> 205

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 205

Gln Val Trp Asp Gly Ser Ser Asp Pro Val Val

1 5 10

<210> 206

<211> 747

<212> DNA

<213> Artificial sequence

<220><223> SC06-087

<220><221> CDS

<222> (1)..(747)

<223>

<400> 206

gag gtg cag ctg gtg gag tct ggg gga ggc ctg gtc aag cct ggg ggg 48

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly

1 5 10 15

tcc ctg aga ctc tcc tgt gca gcc tct gga ttc act ttc agt agt aat 96

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Ser Asn

20 25 30

agc atg aac tgg gtc cgc cag gct cca ggg aag ggg ctg gag tgg gtc 144

Ser Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

tca ttc att agt agt agt agt act tac ata tat tac gca gac tca gtc 192

Ser Phe Ile Ser Ser Ser Ser Thr Tyr Ile Tyr Tyr Ala Asp Ser Val

50	55	60	
aag ggc cga ttc acc atc tcc aga gac aac gcc aag aac tca ctg tat			240
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Leu Tyr			
65	70	75	80
ctg caa atg aac agc ctg aga gcc gag gac acg gct gta tat tac tgt			288
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys			
	85	90	95
gcg agg gag tca gca gct ggc att tct tat gat gct ttt gat atc tgg			336
Ala Arg Glu Ser Ala Ala Gly Ile Ser Tyr Asp Ala Phe Asp Ile Trp			
100	105	110	
ggc caa ggg aca atg gtc acc gtc tcg agc ggt acg ggc ggt tca ggc			384
Gly Gln Gly Thr Met Val Thr Val Ser Ser Gly Thr Gly Gly Ser Gly			
115	120	125	
gga acc ggc agc ggc act ggc ggg tcg acg cag tct gcc ctg act cag			432
Gly Thr Gly Ser Gly Thr Gly Gly Ser Thr Gln Ser Ala Leu Thr Gln			
130	135	140	
cct gcc tcc gtg tct ggg tct cca gga cag tcg atc acc atc tcc tgc			480
Pro Ala Ser Val Ser Gly Ser Pro Gly Gln Ser Ile Thr Ile Ser Cys			
145	150	155	160
act gga acc agc agt gac gtt ggt ggt tat aag tat gtc tcc tgg tat			528
Thr Gly Thr Ser Ser Asp Val Gly Gly Tyr Lys Tyr Val Ser Trp Tyr			
165	170	175	
caa cag cac cca ggc aaa gcc ccc aaa ctc atg att tat gag gtc agt			576
Gln Gln His Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Met Ile Tyr Glu Val Ser			
180	185	190	
aat cgg ccc tcg ggg gtt tct aat cgc ttc tct ggc tcc aag tct ggc			624
Asn Arg Pro Ser Gly Val Ser Asn Arg Phe Ser Gly Ser Lys Ser Gly			
195	200	205	
agc acg gcc tcc ctg acc atc tct ggg ctc cag gct gag gac gag gct			672
Ser Thr Ala Ser Leu Thr Ile Ser Gly Leu Gln Ala Glu Asp Glu Ala			
210	215	220	

gat tat tac tgc agc tca tat aca agc agt agt act ctg ggg gtc ttc 720  
 Asp Tyr Tyr Cys Ser Ser Tyr Thr Ser Ser Ser Thr Leu Gly Val Phe  
 225 230 235 240

gga act ggg acc aag gtc acc gtc cta 747  
 Gly Thr Gly Thr Lys Val Thr Val Leu  
 245

<210> 207  
 <211> 249  
 <212> PRT  
 <213> Artificial sequence  
 <220><223> SC06-087  
 <400> 207

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly  
 1 5 10 15  
 Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Ser Asn  
 20 25 30  
 Ser Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
 35 40 45  
 Ser Phe Ile Ser Ser Ser Ser Thr Tyr Ile Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
 50 55 60  
 Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Leu Tyr  
 65 70 75 80  
 Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys  
 85 90 95  
 Ala Arg Glu Ser Ala Ala Gly Ile Ser Tyr Asp Ala Phe Asp Ile Trp  
 100 105 110  
 Gly Gln Gly Thr Met Val Thr Val Ser Ser Gly Thr Gly Gly Ser Gly  
 115 120 125  
 Gly Thr Gly Ser Gly Thr Gly Gly Ser Thr Gln Ser Ala Leu Thr Gln  
 130 135 140  
 Pro Ala Ser Val Ser Gly Ser Pro Gly Gln Ser Ile Thr Ile Ser Cys



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

                                 210                    215                    220  
 Asp Tyr Tyr Cys Ser Ser Tyr Thr Ser Ser Ser Thr Leu Gly Val Phe  
 225                    230                    235                    240  
 Gly Thr Gly Thr Lys Val Thr Val Leu

                                 245

<210> 208

<211> 741

<212> DNA

<213> Artificial sequence

<220><223> SC06-089

<220><221> CDS

<222> (1)..(741)

<223>

<400> 208

gag gtg cag ctg gtg gag act ggg gga ggc ttg gta cag cct ggg ggg                    48  
 Glu Val Gln Leu Val Glu Thr Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly

1                    5                    10                    15  
 tcc ctg aga ctc tcc tgt gca gcc tct gga ttc acc ttc agt agt tat                    96  
 Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr

                                 20                    25                    30  
 agc atg aat tgg gtc cgt cag gct cca ggg aag ggg ctg gag tgg gtt                    144  
 Ser Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

                                 35                    40                    45  
 tca ttc atc agt agt agt agt acc ata tac tac gcg gac tct gtg                    192

Ser Phe Ile Ser Ser Ser Ser Ser Thr Ile Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
 50 55 60  
 aag ggc cga ttc acc atc gcc aga gac aat gcc aag aac tca ctg tat 240  
 Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ala Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Leu Tyr  
 65 70 75 80  
 ctg caa atg aac agc ctg aga gac gag gac acg gct gtg tat tac tgt 288

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Asp Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys  
 85 90 95  
 gcg agg ccc gta ggg act ggg att agc ttg ttt cat gct ttt gat atc 336  
 Ala Arg Pro Val Gly Thr Gly Ile Ser Leu Phe His Ala Phe Asp Ile  
 100 105 110  
 tgg ggc caa ggg aca atg gtc acc gtc tcg agc ggt acg ggc ggt tca 384  
 Trp Gly Gln Gly Thr Met Val Thr Val Ser Ser Gly Thr Gly Gly Ser

115 120 125  
 ggc gga acc ggc agc ggc act ggc ggg tcg acg cag tct gtg ttg acg 432  
 Gly Gly Thr Gly Ser Gly Thr Gly Gly Ser Thr Gln Ser Val Leu Thr  
 130 135 140  
 cag ccg ccc tcg gtg tca gtg gcc cca gga cag acg gcc agg att acc 480  
 Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ala Pro Gly Gln Thr Ala Arg Ile Thr  
 145 150 155 160

tgt ggg gga aac aac att gga agt aaa tat gtg cac tgg tac cag cag 528  
 Cys Gly Gly Asn Asn Ile Gly Ser Lys Tyr Val His Trp Tyr Gln Gln  
 165 170 175  
 aag cca ggc cag gcc cct gtg ctg gtc gtc tat gat gat agc gac cgg 576  
 Lys Pro Gly Gln Ala Pro Val Leu Val Val Tyr Asp Asp Ser Asp Arg  
 180 185 190  
 ccc tca ggg atc cct gag cga ttc tct ggc tcc aac tct ggg aac acg 624

Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser Asn Ser Gly Asn Thr  
 195 200 205  
 gcc acc ctg acc atc agc agg gtc gaa gcc gga gat gag gcc gac ttt 672  
 Ala Thr Leu Thr Ile Ser Arg Val Glu Ala Gly Asp Glu Ala Asp Phe

210 215 220  
 tac tgt cag gtg tgg gat ggt agt agt gac cct gtg gtg ttc ggc ggt 720  
 Tyr Cys Gln Val Trp Asp Gly Ser Ser Asp Pro Val Val Phe Gly Gly

225 230 235 240  
 ggg acc aag ctg acc gtc cta 741  
 Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

245

<210> 209

<211> 247

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220><223> SC06-089

<400> 209

Glu Val Gln Leu Val Glu Thr Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly  
 1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr  
 20 25 30

Ser Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
 35 40 45

Ser Phe Ile Ser Ser Ser Ser Thr Ile Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
 50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ala Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Leu Tyr  
 65 70 75 80

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Asp Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys  
 85 90 95

Ala Arg Pro Val Gly Thr Gly Ile Ser Leu Phe His Ala Phe Asp Ile  
 100 105 110

Trp Gly Gln Gly Thr Met Val Thr Val Ser Ser Gly Thr Gly Gly Ser  
 115 120 125

Gly Gly Thr Gly Ser Gly Thr Gly Gly Ser Thr Gln Ser Val Leu Thr  
 130 135 140

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

Ala Thr Leu Thr Ile Ser Arg Val Glu Ala Gly Asp Glu Ala Asp Phe  
                                  210                      215                      220  
 Tyr Cys Gln Val Trp Asp Gly Ser Ser Asp Pro Val Val Phe Gly Gly  
 225                      230                      235                      240  
 Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu  
                                  245

<210> 210  
 <211> 1356  
 <212> DNA  
 <213> Homo sapiens  
 <220><221> CDS  
 <222> (1)..(1356)  
 <223>  
 <400> 210

gag gtg cag ctg gtg gag tct ggg gga ggc ctg gtc aag cct ggg ggg 48

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly  
 1                      5                      10                      15  
 tcc ctg aga ctc tcc tgt gca gcc tct gga ttc act ttc agt agt aat 96  
 Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Ser Asn  
                                  20                      25                      30  
 agc atg aac tgg gtc cgc cag gct cca ggg aag ggg ctg gag tgg gtc 144  
 Ser Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
                                  35                      40                      45  
 tca ttc att agt agt agt agt act tac ata tat tac gca gac tca gtg 192

Ser Phe Ile Ser Ser Ser Ser Thr Tyr Ile Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
50 55 60  
aag ggc cga ttc acc atc tcc aga gac aac gcc aag aac tca ctg tat 240  
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Leu Tyr  
65 70 75 80  
ctg caa atg aac agc ctg aga gcc gag gac acg gct gta tat tac tgt 288  
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys  
85 90 95  
gcg agg gag tca gca gct ggc att tct tat gat gct ttt gat atc tgg 336  
Ala Arg Glu Ser Ala Ala Gly Ile Ser Tyr Asp Ala Phe Asp Ile Trp  
100 105 110  
ggc caa ggg aca atg gtc acc gtc tcg agt gct agc acc aag ggc ccc 384  
Gly Gln Gly Thr Met Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro  
115 120 125  
agc gtg ttc ccc ctg gcc ccc agc agc aag agc acc agc ggc ggc aca 432  
Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr  
130 135 140  
gcc gcc ctg ggc tgc ctg gtg aag gac tac ttc ccc gag ccc gtg acc 480  
Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr  
145 150 155 160  
gtg agc tgg aac agc ggc gcc ttg acc agc ggc gtg cac acc ttc ccc 528  
Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro  
165 170 175  
gcc gtg ctg cag agc agc ggc ctg tac agc ctg agc agc gtg gtg acc 576  
Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr  
180 185 190  
gtg ccc agc agc agc ctg ggc acc cag acc tac atc tgc aac gtg aac 624  
Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn  
195 200 205  
cac aag ccc agc aac acc aag gtg gac aaa cgc gtg gag ccc aag agc 672  
His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Pro Lys Ser

210	215	220	
tgc gac aag acc cac acc tgc ccc ccc tgc cct gcc ccc gag ctg ctg			720
Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu			
225	230	235	240
ggc gga ccc tcc gtg ttc ctg ttc ccc ccc aag ccc aag gac acc ctc			768
Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu			
	245	250	255
atg atc agc cgg acc ccc gag gtg acc tgc gtg gtg gtg gac gtg agc			816
Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser			
	260	265	270
cac gag gac ccc gag gtg aag ttc aac tgg tac gtg gac ggc gtg gag			864
His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu			
	275	280	285
gtg cac aac gcc aag acc aag ccc cgg gag gag cag tac aac agc acc			912
Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr			
	290	295	300
tac cgg gtg gtg agc gtg ctc acc gtg ctg cac cag gac tgg ctg aac			960
Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn			
305	310	315	320
ggc aag gag tac aag tgc aag gtg agc aac aag gcc ctg cct gcc ccc			1008
Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro			
	325	330	335
atc gag aag acc atc agc aag gcc aag ggc cag ccc cgg gag ccc cag			1056
Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln			
	340	345	350
gtg tac acc ctg ccc ccc agc cgg gag gag atg acc aag aac cag gtg			1104
Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val			
	355	360	365
tcc ctc acc tgt ctg gtg aag ggc ttc tac ccc agc gac atc gcc gtg			1152

Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val  
 370 375 380  
 gag tgg gag agc aac ggc cag ccc gag aac aac tac aag acc acc ccc 1200  
 Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro  
 385 390 395 400  
 cct gtg ctg gac agc gac ggc agc ttc ttc ctg tac agc aag etc acc 1248  
 Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr  
 405 410 415  
 gtg gac aag agc cgg tgg cag cag ggc aac gtg ttc agc tgc agc gtg 1296  
 Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val  
 420 425 430  
 atg cac gag gcc ctg cac aac cac tac acc cag aag agc ctg agc ctg 1344  
 Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu  
 435 440 445  
 agc ccc ggc aag 1356

Ser Pro Gly Lys

450

<210> 211

<211> 452

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 211

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Ser Asn

20 25 30

Ser Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ser Phe Ile Ser Ser Ser Thr Tyr Ile Tyr Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Leu Tyr





Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro  
 325 330 335

Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln  
 340 345 350

Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val  
 355 360 365

Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val  
 370 375 380

Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro  
 385 390 395 400

Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr  
 405 410 415

Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val  
 420 425 430

Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu  
 435 440 445

Ser Pro Gly Lys  
 450

<210> 212

<211> 1359

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220><221> CDS

<222> (1)..(1359)

<223>

<400> 212

gag gtg cag ctg gtg gag act ggg gga ggc ttg gta cag cct ggg ggg 48

Glu Val Gln Leu Val Glu Thr Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly  
 1 5 10 15

tcc ctg aga ctc tcc tgt gca gcc tct gga ttc acc ttc agt agt tat 96

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr  
 20 25 30

agc atg aat tgg gtc cgt cag gct cca ggg aag ggg ctg gag tgg gtt 144  
 Ser Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
           35                  40                  45  
 tca ttc atc agt agt agt agt acc ata tac tac gcg gac tct gtg 192  
  
 Ser Phe Ile Ser Ser Ser Ser Ser Thr Ile Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
           50                  55                  60  
 aag ggc cga ttc acc atc gcc aga gac aat gcc aag aac tca ctg tat 240  
 Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ala Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Leu Tyr  
 65                  70                  75                  80  
 ctg caa atg aac agc ctg aga gac gag gac acg gct gtg tat tac tgt 288  
 Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Asp Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys  
  
                   85                  90                  95  
 gcg agg ccc gta ggg act ggg att agc ttg ttt cat gct ttt gat atc 336  
 Ala Arg Pro Val Gly Thr Gly Ile Ser Leu Phe His Ala Phe Asp Ile  
                   100                  105                  110  
 tgg ggc caa ggg aca atg gtc acc gtc tgc agt gct agc acc aag ggc 384  
 Trp Gly Gln Gly Thr Met Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly  
                   115                  120                  125  
  
 ccc agc gtg ttc ccc ctg gcc ccc agc agc aag agc acc agc ggc ggc 432  
 Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly  
                   130                  135                  140  
 aca gcc gcc ctg ggc tgc ctg gtg aag gac tac ttc ccc gag ccc gtg 480  
 Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val  
 145                  150                  155                  160  
 acc gtg agc tgg aac agc ggc gcc ttg acc agc ggc gtg cac acc ttc 528  
  
 Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe  
                   165                  170                  175  
 ccc gcc gtg ctg cag agc agc ggc ctg tac agc ctg agc agc gtg gtg 576  
 Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val  
                   180                  185                  190  
 acc gtg ccc agc agc agc ctg ggc acc cag acc tac atc tgc aac gtg 624

Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val  
 195 200 205  
 aac cac aag ccc agc aac acc aag gtg gac aaa cgc gtg gag ccc aag 672  
 Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Pro Lys  
 210 215 220  
 agc tgc gac aag acc cac acc tgc ccc ccc tgc cct gcc ccc gag ctg 720  
 Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu  
 225 230 235 240  
 ctg ggc gga ccc tcc gtg ttc ctg ttc ccc ccc aag ccc aag gac acc 768  
 Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr  
 245 250 255  
 ctc atg atc agc cgg acc ccc gag gtg acc tgc gtg gtg gtg gac gtg 816  
 Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val  
 260 265 270  
 agc cac gag gac ccc gag gtg aag ttc aac tgg tac gtg gac ggc gtg 864  
 Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val  
 275 280 285  
 gag gtg cac aac gcc aag acc aag ccc cgg gag gag cag tac aac agc 912  
 Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser  
 290 295 300  
 acc tac cgg gtg gtg agc gtg ctc acc gtg ctg cac cag gac tgg ctg 960  
 Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu  
 305 310 315 320  
 aac ggc aag gag tac aag tgc aag gtg agc aac aag gcc ctg cct gcc 1008  
 Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala  
 325 330 335  
 ccc atc gag aag acc atc agc aag gcc aag ggc cag ccc cgg gag ccc 1056  
 Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro  
 340 345 350

cag gtg tac acc ctg ccc ccc agc cgg gag gag atg acc aag aac cag 1104  
 Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln  
 355 360 365

gtg tcc ctc acc tgt ctg gtg aag ggc ttc tac ccc agc gac atc gcc 1152  
 Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala  
 370 375 380

gtg gag tgg gag agc aac ggc cag ccc gag aac aac tac aag acc acc 1200

Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr  
 385 390 395 400

ccc cct gtg ctg gac agc gac ggc agc ttc ttc ctg tac agc aag ctc 1248  
 Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu  
 405 410 415

acc gtg gac aag agc cgg tgg cag cag ggc aac gtg ttc agc tgc agc 1296  
 Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser  
 420 425 430

gtg atg cac gag gcc ctg cac aac cac tac acc cag aag agc ctg agc 1344  
 Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser  
 435 440 445

ctg agc ccc ggc aag 1359  
 Leu Ser Pro Gly Lys  
 450

<210> 213  
 <211> 453  
 <212> PRT  
 <213> Homo sapiens  
 <400> 213

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

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

290 295 300  
 Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu

305 310 315 320  
 Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala

325 330 335  
 Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro

340 345 350  
 Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln

355 360 365  
 Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala

370 375 380  
 Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr

385 390 395 400  
 Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu

405 410 415  
 Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser

420 425 430  
 Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser

435 440 445  
 Leu Ser Pro Gly Lys

450

<210> 214

<211> 663

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220><221> CDS

<222> (1)..(663)

<223>

<400> 214

cag tct gcc ctg act cag cct gcc tcc gtg tct ggg tct cca gga cag 48

Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Ala Ser Val Ser Gly Ser Pro Gly Gln

1 5 10 15

tcg atc acc atc tcc tgc act gga acc agc agt gac gtt ggt ggt tat 96

Ser Ile Thr Ile Ser Cys Thr Gly Thr Ser Ser Asp Val Gly Gly Tyr  
 20 25 30

aag tat gtc tcc tgg tat caa cag cac cca ggc aaa gcc ccc aaa ctc 144

Lys Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln His Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu  
 35 40 45

atg att tat gag gtc agt aat cgg ccc tcg ggg gtt tct aat cgc ttc 192

Met Ile Tyr Glu Val Ser Asn Arg Pro Ser Gly Val Ser Asn Arg Phe  
 50 55 60

tct ggc tcc aag tct ggc agc acg gcc tcc ctg acc atc tct ggg ctc 240

Ser Gly Ser Lys Ser Gly Ser Thr Ala Ser Leu Thr Ile Ser Gly Leu  
 65 70 75 80

cag gct gag gac gag gct gat tat tac tgc agc tca tat aca agc agt 288

Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ser Ser Tyr Thr Ser Ser  
 85 90 95

agt act ctg ggg gtc ttc gga act ggg acc aag gtc acc gtc cta ggt 336

Ser Thr Leu Gly Val Phe Gly Thr Gly Thr Lys Val Thr Val Leu Gly  
 100 105 110

gcg gcc gca ggc cag ccc aag gcc gct ccc agc gtg acc ctg ttc ccc 384

Ala Ala Ala Gly Gln Pro Lys Ala Ala Pro Ser Val Thr Leu Phe Pro  
 115 120 125

ccc tcc tcc gag gag ctg cag gcc aac aag gcc acc ctg gtg tgc etc 432

Pro Ser Ser Glu Glu Leu Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu  
 130 135 140

atc agc gac ttc tac cct ggc gcc gtg acc gtg gcc tgg aag gcc gac 480

Ile Ser Asp Phe Tyr Pro Gly Ala Val Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp  
 145 150 155 160

agc agc ccc gtg aag gcc ggc gtg gag acc acc acc ccc agc aag cag 528

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





130                      135                      140  
 Ile Ser Asp Phe Tyr Pro Gly Ala Val Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp  
 145                      150                      155                      160  
  
 Ser Ser Pro Val Lys Ala Gly Val Glu Thr Thr Thr Pro Ser Lys Gln  
                                  165                      170                      175  
 Ser Asn Asn Lys Tyr Ala Ala Ser Ser Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu  
                                  180                      185                      190  
 Gln Trp Lys Ser His Arg Ser Tyr Ser Cys Gln Val Thr His Glu Gly  
                                  195                      200                      205  
 Ser Thr Val Glu Lys Thr Val Ala Pro Thr Glu Cys Ser  
                                  210                      215                      220  
  
 <210>  
     216  
 <211> 654  
 <212> DNA  
 <213> Homo sapiens  
 <220><221> CDS  
 <222> (1)..(654)  
 <223>  
 <400> 216  
  
 cag tct gtg ttg acg cag ccg ccc tcg gtg tca gtg gcc cca gga cag            48  
 Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ala Pro Gly Gln  
 1                      5                      10                      15  
 acg gcc agg att acc tgt ggg gga aac aac att gga agt aaa tat gtg            96  
 Thr Ala Arg Ile Thr Cys Gly Gly Asn Asn Ile Gly Ser Lys Tyr Val  
                                  20                      25                      30  
  
 cac tgg tac cag cag aag cca ggc cag gcc cct gtg ctg gtc gtc tat            144  
 His Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Val Leu Val Val Tyr  
                                  35                      40                      45  
 gat gat agc gac cgg ccc tca ggg atc cct gag cga ttc tct ggc tcc            192  
 Asp Asp Ser Asp Arg Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser  
                                  50                      55                      60

aac tct ggg aac acg gcc acc ctg acc atc agc agg gtc gaa gcc gga 240

Asn Ser Gly Asn Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Arg Val Glu Ala Gly  
 65 70 75 80

gat gag gcc gac ttt tac tgt cag gtg tgg gat ggt agt agt gac cct 288

Asp Glu Ala Asp Phe Tyr Cys Gln Val Trp Asp Gly Ser Ser Asp Pro  
 85 90 95

gtg gtg ttc ggc ggt ggg acc aag ctg acc gtc cta ggt gcg gcc gca 336

Val Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Ala Ala Ala

100 105 110

ggc cag ccc aag gcc gct ccc agc gtg acc ctg ttc ccc ccc tcc tcc 384

Gly Gln Pro Lys Ala Ala Pro Ser Val Thr Leu Phe Pro Pro Ser Ser  
 115 120 125

gag gag ctg cag gcc aac aag gcc acc ctg gtg tgc ctc atc agc gac 432

Glu Glu Leu Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ile Ser Asp  
 130 135 140

ttc tac cct ggc gcc gtg acc gtg gcc tgg aag gcc gac agc agc ccc 480

Phe Tyr Pro Gly Ala Val Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp Ser Ser Pro  
 145 150 155 160

gtg aag gcc ggc gtg gag acc acc acc ccc agc aag cag agc aac aac 528

Val Lys Ala Gly Val Glu Thr Thr Thr Pro Ser Lys Gln Ser Asn Asn  
 165 170 175

aag tac gcc gcc agc agc tac ctg agc ctc acc ccc gag cag tgg aag 576

Lys Tyr Ala Ala Ser Ser Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu Gln Trp Lys  
 180 185 190

agc cac cgg agc tac agc tgc cag gtg acc cac gag ggc agc acc gtg 624

Ser His Arg Ser Tyr Ser Cys Gln Val Thr His Glu Gly Ser Thr Val  
 195 200 205

gag aag acc gtg gcc ccc acc gag tgc agc 654

Glu Lys Thr Val Ala Pro Thr Glu Cys Ser



Glu Lys Thr Val Ala Pro Thr Glu Cys Ser

210

215

<210> 218

<211> 5

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 218

Asp Tyr Gly Met His

1

5

<210> 219

<211> 17

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 219

Phe Ile Trp Pro His Gly Val Asn Arg Phe Tyr Ala Asp Ser Met Glu

1

5

10

15

Gly

<210> 220

<211> 12

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 220

Asp Gln Asp Tyr Val Pro Arg Lys Tyr Phe Asp Leu

1

5

10

<210> 221

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 221

Gly Gly Asn Asn Ile Gly Ser Lys Ser Val His

1

5

10

<210> 222

<

211> 7

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 222

Gln Asp Arg Arg Arg Pro Ser

1                    5

<210> 223

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 223

Gln Ala Trp Asp Ser Ser Thr Gly Val

1                    5

<210> 224

<211> 5

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 224

Asn Tyr Trp Ile Gly

1                    5

<210> 225

<211> 17

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 225

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

1                    5                    10                    15

Gly

<210> 226

<211> 12

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 226

Arg Met Ala Val Ala Gly Ser Asp Ala Phe Asp Ile

1                    5                    10

<210> 227

<211> 13

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 227

Ser Gly Ser Thr Ser Asn Ile Gly Ser His Asn Val Asn

1                    5                    10

<210> 228

<211> 7

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 228

Ile Asn Asn Lys Arg Pro Ser

1                    5

<210> 229

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 229

Ala Ala Trp Asp Asp Ser Leu Arg Arg Pro Val

1                    5                    10

<210> 230

<211> 5

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 230

Asp Tyr Ser Met Ser

1                    5

<210> 231

<211> 17

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 231

Asn Ile Ser Gly Ser Gly His Ser Thr Lys Tyr Ala Glu Ser Met Arg

1                    5                    10                    15

Gly

<210> 232

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 232

Gly Gly Gly Tyr Arg Met Asp Val

1                    5

<210> 233

<211> 14

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 233

Thr Gly Thr Ser Ser Asp Val Gly Gly Tyr Asn Tyr Val Ser

1                    5                    10

<210> 234

<211> 7

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 234

Asp Val Ser Lys Arg Pro Ser

1                    5

<210> 235

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 235

Ser Ser Tyr Ala Gly Ser Asn Asn Phe Val Val

1                    5                    10

<210> 236

<211> 5

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 236

Asn Tyr Gly Ile Thr

1                    5

<210> 237

<211> 17

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 237

Trp Ile Ser Ala Tyr Asn Ala Lys Thr Glu Tyr Gly Gln Arg Leu Gln

1                    5                    10                    15

Gly

<210> 238

<211> 17

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 238

Val Leu Gly Tyr Arg Gly Gly Trp Tyr Asp Glu Gly Asp Ala Phe Asp

1                    5                    10                    15

Val

<210> 239

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 239

Arg Ala Ser Gln Gly Ile Arg Ser His Leu Ala

1                    5                    10

<210> 240

<211> 7





Glu Gly Gly Val Gly Pro Ala Phe Asp Ile

1                    5                    10

<210> 245

<211> 17

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 245

Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu His Asn Ser Asn Asn Lys Asn Tyr Leu

1                    5                    10                    15

Ala

<210> 246

<211> 7

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 246

Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser

1                    5

<210> 247

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 247

Gln Gln Tyr Tyr Gly Ser Pro Tyr Thr

1                    5

<210> 248

<211> 5

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 248

Ser Tyr Ala Met Ser

1                    5

<210> 249

<211> 17

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 249

Ala Ile Ser Gly Thr Gly Gly Ser Ala Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys

1                    5                    10                    15

Gly

<210> 250

<211> 7

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 250

Gly His Ser Ser Gly Thr Asn

1                    5

<210> 251

<211> 13

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 251

Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Ser Asn Phe Val Tyr

1                    5                    10

<210> 252

<211> 7

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 252

Arg Asn Asn Gln Arg Pro Ser

1                    5

<210> 253

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 253

Ala Ala Trp Asp Asp Ser Leu Ser Gly Val Leu

1                    5                    10

<210> 254

<211> 5

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 254

Ser Tyr Ala Ile Ser

1                    5

<210> 255

<211> 17

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 255

Gly Ile Ile Pro Ile Phe Gly Thr Ala Asn Tyr Ala Gln Lys Phe Gln

1                    5                    10                    15

Gly

<210> 256

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 256

Gly Tyr Ala Ala Thr Asp Tyr Gly Met Asp Val

1                    5                    10

<210> 257

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 257

Arg Ala Ser Gln Ser Ile Ser Ser Tyr Leu Asn

1                    5                    10

<210> 258

<211> 7

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 258

Ala Ala Ser Ser Leu Gln Ser

1                    5

<210> 259

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 259

Gln Gln Ser Tyr Ser Thr Pro Phe Thr

1                    5

<210> 260

<211> 5

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 260

Asp Tyr Ala Met Ser

1                    5

<210> 261

<211> 19

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 261

Phe Ile Arg Asn Lys Ala Tyr Gly Gly Thr Ala Glu Tyr Ala Ala Ser

1                    5                    10                    15

Val Lys Asp

<210> 262

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 262

Arg Glu Tyr Asp Thr Gly Trp Leu Asp Tyr

1 5 10

<210> 263

<211> 14

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 263

Thr Gly Thr Ser Ser Asp Val Gly Gly Tyr Asn Tyr Val Ser

1 5 10

<210

> 264

<211> 7

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 264

Asp Val Thr Asp Arg Pro Ser

1 5

<210> 265

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 265

Ser Ser Tyr Thr Ser Ser Ser Thr Ser Ala Val

1 5 10

<210> 266

<211> 5

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 266

Asn Tyr Gly Met His

1 5

<210> 267

<211> 17

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 267

Val Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Glu Asp Tyr Ala Asp Ser Val Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 268

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 268

Gly Gln Tyr Ser Ser Thr Trp Phe Leu Asp Tyr

1 5 10

<210> 269

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 269

Arg Ala Ser Gln Ser Ile Ser Ser Trp Leu Ala

1 5 10

<210> 270

<211> 7

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 270

Lys Ala Ser Ser Leu Glu Thr

1 5

<210> 271

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 271

Gln Gln Ala Asn Ser Phe Pro Leu Thr

1 5

<210> 272

<211> 5

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 272

Ser Tyr Gly Met His

1                    5

<210> 273

<211> 17

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 273

Val Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys

1                    5                    10                    15

Gly

<210> 274

<211> 7

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 274

Ser Tyr Ala Ile Ala Ala Thr

1                    5

<210> 275

<211> 13

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 275

Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Ser Asn Tyr Val Tyr

1                    5                    10

<210> 276

<211> 7

<212> PRT

<213> Homo sapiens



<400> 276

Arg Asn Asn Gln Arg Pro Ser

1 5

<210> 277

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400>

277

Ala Ala Trp Asp Asp Ser Leu Ser Gly Trp Val

1 5 10

<210> 278

<211> 6

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 278

Ser Gly Tyr Tyr Trp Gly

1 5

<210> 279

<211> 16

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 279

Ser Ile Tyr His Thr Gly Ser Thr Tyr Tyr Asn Pro Ser Leu Lys Ser

1 5 10 15

<210> 280

<211> 7

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 280

Gln Ser Pro Ala Phe Asp Phe

1 5

<210> 281

<211> 14

<212> PRT  
 <213> Homo sapiens  
 <400> 281  
 Thr Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Thr Gly Tyr Asp Val His  
 1                    5                    10

<210> 282  
 <211> 7  
 <212> PRT  
 <213> Homo sapiens  
 <400> 282

Gly Asn Asn Asn Arg Pro Ser  
 1                    5  
 <210> 283  
 <211> 11  
 <212> PRT  
 <213> Homo sapiens  
 <400> 283  
 Ala Thr Trp Asp Asp Ser Leu Asn Gly Trp Val  
 1                    5                    10

<210> 284  
 <211> 5  
 <212> PRT  
 <213> Homo sapiens  
 <400> 284

Ser Tyr Tyr Trp Ser  
 1                    5  
 <210> 285  
 <211> 10  
 <212> PRT  
 <213> Homo sapiens  
 <400> 285

Ser Tyr Tyr Trp Ser Pro Ser Leu Asn Ser  
 1                    5                    10  
 <210> 286

<211> 7

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 286

Gly Gly Gln Thr Ala Gly Val

1                    5

<210> 287

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 287

Gly Gly Tyr Asn Ile Gly Arg Lys Ser Val His

1                    5                    10

<210> 288

<211> 7

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 288

Asp Asn Ser Asp Arg Pro Ser

1                    5

<210> 289

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 289

Gln Ala Trp Asp Arg Gly Thr Ala Val

1                    5

<210> 290

<211> 5

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 290

Ser Asp Phe Met Thr

1                    5

<210> 291

<211> 16

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 291

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

1                    5                    10                    15

<210> 292

<211> 13

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 292

Ser Val Cys Ser Thr Ile Ser Cys Ser Lys Leu Asp Asp

1                    5                    10

<210> 293

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 293

Gly Gly Asn Asn Ile Gly Arg Lys Ser Val His

1                    5                    10

<210> 294

<211> 7

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 294

Asp Asn Ser Asp Arg Pro Ser

1                    5

<210> 295

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 295

His Val Trp Gly Ser Ser Arg Asp His Tyr Val

1                    5                    10

<210> 296

<211> 5

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 296

Ser Tyr Trp Ile Ala

1                    5

<210> 297

<211> 17

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 297

Val Ile Tyr Pro Gly Asp Ser Asp Ala Arg Tyr Ser Pro Ser Phe Gln

1                    5                    10                    15

Gly

<210> 298

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 298

Leu Arg Ser Lys Asn Thr Gly Leu Asp Tyr

1                    5                    10

<210> 299

<211> 14

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 299

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

1                    5                    10

<210> 300

<211> 7

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 300

Glu Val Ser Asn Arg Pro Ser

1                    5

<210> 301

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 301

Ser Ser Tyr Ala Gly Asn Asn Asn Leu Ala

1                    5                    10

<210> 302

<211> 5

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 302

Thr Tyr Trp Ile Gly

1                    5

<210> 303

<211> 17

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 303

Ile Ile Tyr Pro Gly Asp Ser Asp Thr Arg Tyr Ser Pro Ser Phe Gln

1                    5                    10                    15

Gly

<210> 304

<211> 12

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 304

Pro Gly Pro Arg Gly Tyr Asn His Gly Phe Asp Tyr

1                    5                    10

<210> 305

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 305

Gln Gly Asp Ser Leu Arg Arg Tyr Tyr Ala Ser

1                    5                    10

<210> 306

<211> 7

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 306

Gly Lys Asn Asn Arg Pro Ser

1                    5

<210> 307

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 307

Asn Ser Arg Asp Ser Ser Gly Asn Ser Val Val

1                    5                    10

<210> 308

<211> 5

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 308

Thr Tyr Trp Ile Gly

1                    5

<210> 309

<211> 17

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 309

Ile Ile Tyr Pro Gly Asp Ser Asp Thr Arg Tyr Asn Pro Ser Phe Gln

1                    5                    10                    15

Gly

<210> 310

<211> 12

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 310

Arg Ser Ala Arg Gly Gly Asn Trp Tyr Phe Asp Leu

1                    5                    10

<210> 311

<211> 12

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 311

Arg Ala Ser Gln Ser Val Ser Ser Ser Tyr Leu Ala

1                    5                    10

<210> 312

<211> 7

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 312

Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr

1                    5

<210> 313

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 313

Gln Gln Tyr Gly Arg Ser Pro Leu Thr

1                    5



<210> 314  
 <211> 5  
 <212> PRT  
 <213> Homo sapiens  
 <400> 314

Ser Tyr Trp Ile Gly  
 1                    5

<210> 315  
 <211> 17  
 <212> PRT  
 <213> Homo sapiens  
 <400> 315

Ile Ile Tyr Pro Gly Asp Ser Asp Thr Arg Tyr Ser Pro Ser Phe Gln  
 1                    5                    10                    15  
 Gly

<210> 316  
 <211> 18  
 <212> PRT  
 <213> Homo sapiens  
 <400> 316

Trp Gly Gly Val Cys Ser Ser Thr Ser Cys Pro Asn Arg Asp Ala Phe  
 1                    5                    10                    15  
 Asp Ile

<210> 317  
 <211> 14  
 <212> PRT  
 <213> Homo sapiens  
 <400> 317

Thr Gly Thr Ser Ser Asp Val Gly Gly Tyr Asn Tyr Val Ser  
 1                    5                    10

<210> 318  
 <211> 7

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 318

Asp Val Ser Asn Arg Pro Ser

1                    5

<210> 319

<211> 12

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 319

Ser Ser Tyr Arg Ser Ser Gly Ala Ser Pro Val Val

1                    5                    10

<210> 320

<211> 5

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 320

Asn Tyr Trp Ile Gly

1                    5

<210> 321

<211> 17

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 321

Ile Ile Tyr Pro Gly Asp Ser Asp Thr Arg Tyr Ser Pro Ser Phe Gln

1                    5                    10                    15

Gly

<210> 322

<211> 13

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 322

His Thr Gln Asn Lys Asn Gly Met Asn Thr Phe Asp Ile

1 5 10

<210> 323

<211> 14

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 323

Thr Gly Thr Ser Ser Asp Ile Gly Gly Tyr Asn Tyr Val Ser

1 5 10

<210> 324

<211> 7

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 324

Glu Val Ser Asn Arg Pro Pro

1 5

<210> 325

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 325

Ser Ser Tyr Ser Thr Thr Thr Thr Arg Val Ile

1 5 10

<210> 326

<211> 5

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 326

Asp Tyr Ala Met His

1 5

<210> 327

<211> 17

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 327

Gly Ile Ser Trp Asn Ser Gly Ser Ile Gly Tyr Ala Asp Ser Val Lys

1                    5                    10                    15

Gly

<210> 328

<211> 6

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 328

Gly Gln Arg Phe Asp Phe

1                    5

<210> 329

<211> 14

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 329

Thr Gly Thr Ser Ser Asp Val Gly Gly Tyr Asn Tyr Val Ser

1                    5                    10

<210> 330

<211> 7

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 330

Asp Val Asn Asn Arg Pro Ser

1                    5

<210> 331

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 331

Gly Ser Ser Val Gly Ser Arg Leu Arg Ile

1                    5                    10

<210> 332  
 <211> 5  
 <212> PRT  
 <213> Homo sapiens  
 <400> 332  
 Ser His Trp Ile Gly

1                    5  
 <210> 333  
 <211> 17  
 <212> PRT  
 <213> Homo sapiens  
 <400> 333  
 Ile Ile Tyr Pro Gly Asp Ser Asp Thr Arg Tyr Ser Pro Ser Phe Gln  
 1                    5                    10                    15  
 Gly

<210> 334  
 <211> 11  
 <212> PRT  
 <213> Homo sapiens  
 <400> 334  
 Leu Gly Ser Ser Arg Trp Ser His Phe Asp Tyr  
 1                    5                    10

<210> 335  
 <211> 14  
 <212> PRT  
 <213> Homo sapiens  
 <400> 335  
 Thr Gly Thr Ser Thr Asp Val Gly Gly Tyr Asn Tyr Val Ser

1                    5                    10  
 <210> 336  
 <211> 7  
 <212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 336

Gly Val Ser Lys Arg Pro Ser

1 5

<210> 337

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 337

Ser Ser Tyr Ala Gly Ser Asn Asn Leu Val

1 5 10

<210> 338

<211> 5

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 338

Ser Tyr Trp Ile Gly

1 5

<210> 339

<211> 17

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 339

Ser Ile Tyr Pro Gly Asp Ser Asp Thr Arg Tyr Ser Pro Ser Phe Gln

1 5 10 15

Gly

<210> 340

<211> 12

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 340

Gln Tyr Arg Ala Gly Ser Thr Thr Arg Phe Asp Pro

1 5 10

<210> 341  
 <211> 16  
 <212> PRT  
 <213> Homo sapiens  
 <400> 341  
 Arg Ser Ser Gln Ser Leu Arg His Arg Asn Gly Asn Asn Tyr Leu Asp  
 1                    5                    10                    15

<210> 342  
 <211> 7  
 <212> PRT  
 <213> Homo sapiens  
 <400> 342  
 Leu Gly Ser Asn Arg Ala Ser  
 1                    5

<210> 343  
 <211> 9  
 <212> PRT  
 <213> Homo sapiens  
 <400> 343  
 Met Gln Ala Leu Gln Thr Pro Leu Thr  
 1                    5

<210> 344  
 <211> 7  
 <212> PRT  
 <213> Homo sapiens  
 <400> 344  
 Ser Gly Gly Tyr Tyr Trp Ser  
 1                    5

<210> 345  
 <211> 16  
 <212> PRT  
 <213> Homo sapiens  
 <400> 345

Tyr Ile Tyr Tyr Ser Gly Ser Thr Tyr Tyr Asn Pro Ser Leu Lys Ser

1                    5                    10                    15

<210> 346

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 346

Glu Arg Ile Leu Asp Arg Met Asn Asp Tyr

1                    5                    10

<210> 347

<211> 14

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 347

Thr Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Ala Gly Tyr Asp Val His

1                    5                    10

<210> 348

<211> 7

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 348

Gly Asn Ser Asn Arg Pro Ser

1                    5

<210> 349

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 349

Gln Ser Ser Asp Ser Ser Leu Asn Ile Leu

1                    5                    10

<210> 350

<211> 729

<212> DNA



<213> Artificial sequence

<220><223> SC05-140

<220><221> CDS

<222> (1)..(729)

<223>

<400> 350

gag gtg cag ctg gtg gag tct ggg gga gtc gcg gtc cag cct ggg agg 48

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

1 5 10 15

tcc ctg aga ctc tcc tgt gcg gcg tct gga ttc agt ttc aga gat tat 96

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Ser Phe Arg Asp Tyr

20 25 30

ggc atg cac tgg gtc cgc cag gct gca ggc aag ggg ctg gag tgg gtg 144

Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Ala Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

gca ttt ata tgg cct cat gga gta aat agg ttt tat gca gac tca atg 192

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

50 55 60

gag ggc cga ttc acc atc tcc aga gac gat tcc aag aat atg ttg tat 240

Glu Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Met Leu Tyr

65 70 75 80

cta gaa atg aat aat ctg aga acc gaa gac acg gct cta tat tac tgt 288

Leu Glu Met Asn Asn Leu Arg Thr Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys

85 90 95

aca aga gat caa gac tat gtc ccg aga aag tac ttc gat ctt tgg ggc 336

Thr Arg Asp Gln Asp Tyr Val Pro Arg Lys Tyr Phe Asp Leu Trp Gly

100 105 110

cgt ggc acc ctg gtc acc gtc tcg agc ggt acg ggc ggt tca ggc gga 384

Arg Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Thr Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125

acc ggc agc ggc act ggc ggg tcg acg tcc tat gtg ctg act cag cca 432

Thr Gly Ser Gly Thr Gly Gly Ser Thr Ser Tyr Val Leu Thr Gln Pro  
 130 135 140  
 ccc tca gtg tca gtg gcc cca gga cag acg gcc agg att acc tgt ggg 480  
 Pro Ser Val Ser Val Ala Pro Gly Gln Thr Ala Arg Ile Thr Cys Gly  
 145 150 155 160  
 gga aac aac att gga agt aaa agt gtg cac tgg tac cag cag aag cca 528

Gly Asn Asn Ile Gly Ser Lys Ser Val His Trp Tyr Gln Gln Lys Pro  
 165 170 175  
 ggc cag tcc cct gtg ttg gtc atg tat caa gat agg agg cgg ccc tca 576  
 Gly Gln Ser Pro Val Leu Val Met Tyr Gln Asp Arg Arg Arg Pro Ser  
 180 185 190  
 ggg atc cct gag cga ttc tct ggc tcc aac tct ggg cac aca gcc act 624  
 Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser Asn Ser Gly His Thr Ala Thr  
 195 200 205  
 ctg acc atc agc ggg acc cag gct atg gat gag gct gac tat tac tgt 672  
 Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Met Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys  
 210 215 220  
 cag gcg tgg gac agc agc act ggg gtc ttc gga act ggg acc cag ctc 720  
 Gln Ala Trp Asp Ser Ser Thr Gly Val Phe Gly Thr Gly Thr Gln Leu  
 225 230 235 240  
 acc gtt tta 729  
 Thr Val Leu

<210> 351  
 <211> 243  
 <212> PRT  
 <213> Artificial sequence  
 <220><223> SC05-140  
 <400> 351  
 Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Val Ala Val Gln Pro Gly Arg  
 1 5 10 15

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

<210> 352

<211> 741

<212> DNA

<213> Artificial sequence

<220><223> SC05-157

<220><221> CDS

<222> (1)..(741)

<223>

<400> 352

gag gtg cag ctg gtg gag tcc gga gca gag gtg aaa aag ccc ggg gag 48

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Glu

1 5 10 15  
tct ctg aag atc tcc tgt aag ggt tct gga tac agc ttt acc aac tac 96

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

20 25 30  
tgg atc ggc tgg gtg cgc cag atg ccc ggg aaa ggc ctg gag tgg atg 144

Trp Ile Gly Trp Val Arg Gln Met Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45  
ggg atc gtc tat cct ggt gac tct gat acc aga tac agc ccg tcc ttc 192

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

50 55 60  
caa ggc cag gtc acc atc tca gcc gac aag tcc atc agc acc gcc tac 240

Gln Gly Gln Val Thr Ile Ser Ala Asp Lys Ser Ile Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80  
ctg cag tgg agc agc ctg aag gcc tgc gac acc gcc gtg tat tac tgt 288

Leu Gln Trp Ser Ser Leu Lys Ala Ser Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95  
gcg aga cgc atg gca gtg gct ggt agc gat gct ttt gat atc tgg ggc 336

Ala Arg Arg Met Ala Val Ala Gly Ser Asp Ala Phe Asp Ile Trp Gly

100 105 110  
caa ggg aca atg gtc acc gtc tgc agc ggt acg ggc ggt tca ggc gga 384

Gln Gly Thr Met Val Thr Val Ser Ser Gly Thr Gly Gly Ser Gly Gly



1                    5                    10                    15  
  
 Ser Leu Lys Ile Ser Cys Lys Gly Ser Gly Tyr Ser Phe Thr Asn Tyr  
                          20                    25                    30  
 Trp Ile Gly Trp Val Arg Gln Met Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Met  
                          35                    40                    45  
 Gly Ile Val Tyr Pro Gly Asp Ser Asp Thr Arg Tyr Ser Pro Ser Phe  
                          50                    55                    60  
 Gln Gly Gln Val Thr Ile Ser Ala Asp Lys Ser Ile Ser Thr Ala Tyr  
 65                    70                    75                    80  
  
 Leu Gln Trp Ser Ser Leu Lys Ala Ser Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys  
                          85                    90                    95  
 Ala Arg Arg Met Ala Val Ala Gly Ser Asp Ala Phe Asp Ile Trp Gly  
                          100                    105                    110  
 Gln Gly Thr Met Val Thr Val Ser Ser Gly Thr Gly Gly Ser Gly Gly  
                          115                    120                    125  
 Thr Gly Ser Gly Thr Gly Gly Ser Thr Gln Ala Val Leu Thr Gln Pro  
                          130                    135                    140  
  
 Ser Ser Ala Ser Gly Thr Pro Gly Gln Thr Val Thr Ile Ser Cys Ser  
 145                    150                    155                    160  
 Gly Ser Thr Ser Asn Ile Gly Ser His Asn Val Asn Trp Tyr Gln His  
                          165                    170                    175  
 Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Ile Asn Asn Lys Arg  
                          180                    185                    190  
 Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Lys Ser Gly Ser Ser  
                          195                    200                    205  
  
 Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Gln Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr  
                          210                    215                    220  
 Tyr Cys Ala Ala Trp Asp Asp Ser Leu Arg Arg Pro Val Phe Gly Gly  
 225                    230                    235                    240  
 Gly Thr Gln Leu Thr Val Leu  
                          245

<210> 354  
 <211> 732  
 <212> DNA  
 <213> Artificial sequence  
 <220><223> SC05-179  
 <220><221> CDS  
 <222> (1)..(732)  
 <223>  
 <400> 354

gag gtg cag ctg gtg gag tct ggg gga ggc ttg gtc aag cct gga ggg 48

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly  
 1 5 10 15  
 tcc ctg gga ctc tcc tgt gca gcc tct gga ttc ttc ttc agt gac tac 96  
 Ser Leu Gly Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Phe Phe Ser Asp Tyr  
 20 25 30  
 tcc atg agt tgg atc cgc cag gct cca ggg aag ggg ctg gaa tgg ctt 144  
 Ser Met Ser Trp Ile Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Leu  
 35 40 45  
 tca aac att agt ggt agt ggt cac tcc aca aag tac gca gag tct atg 192  
 Ser Asn Ile Ser Gly Ser Gly His Ser Thr Lys Tyr Ala Glu Ser Met  
 50 55 60  
 agg ggc cga atc acc atc tcc aga gac aac gcc aag aag tcg ctg tct 240  
 Arg Gly Arg Ile Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Lys Ser Leu Ser  
 65 70 75 80  
 ctg caa ctg aac agc ctg aga gcc gag gac acg gct gtt tat ttc tgt 288  
 Leu Gln Leu Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys  
 85 90 95  
 gtg cga ggg ggt ggt tat cga atg gac gtc tgg ggc caa ggg acc acg 336  
 Val Arg Gly Gly Gly Tyr Arg Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr  
 100 105 110  
 gtc acc gtc tgc agc ggt acg ggc ggt tca ggc gga acc ggc agc ggc 384

Val Thr Val Ser Ser Gly Thr Gly Gly Ser Gly Gly Thr Gly Ser Gly  
 115 120 125  
 act ggc ggg tgc acg cag tct gcc ctg act cag cct cgc tca gtg ccc 432  
 Thr Gly Gly Ser Thr Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Arg Ser Val Pro  
 130 135 140  
 ggg tct cct gga cag tca gtc acc atc tcc tgc act gga acc agc agt 480  
 Gly Ser Pro Gly Gln Ser Val Thr Ile Ser Cys Thr Gly Thr Ser Ser  
 145 150 155 160  
 gat gtt ggt ggt tat aac tat gtc tcc tgg tac caa cag cac cca ggc 528  
 Asp Val Gly Gly Tyr Asn Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln His Pro Gly  
 165 170 175  
 aaa gcc ccc aaa ctc atg att tat gat gtc agt aag cgg ccc tca ggg 576  
 Lys Ala Pro Lys Leu Met Ile Tyr Asp Val Ser Lys Arg Pro Ser Gly  
 180 185 190  
 gtc cct gat cgc ttc tct ggc tcc aag tct ggc aac acg gcc tcc ctg 624  
 Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Lys Ser Gly Asn Thr Ala Ser Leu  
 195 200 205  
 acc gtc tct ggg ctc cag gct gag gat gag gct gat tat tac tgc agc 672  
 Thr Val Ser Gly Leu Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ser  
 210 215 220  
 tca tat gca ggc agc aac aat ttt gtg gta ttc ggc gga ggg acc aag 720  
 Ser Tyr Ala Gly Ser Asn Asn Phe Val Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys  
 225 230 235 240  
 ctg acc gtc cta 732  
 Leu Thr Val Leu  
 <210> 355  
 <211> 244  
 <212> PRT  
 <213> Artificial sequence  
 <220><223> SC05-179  
 <400> 355



Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly

1                    5                    10                    15

Ser Leu Gly Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Phe Phe Ser Asp Tyr

                  20                    25                    30

Ser Met Ser Trp Ile Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Leu

                  35                    40                    45

Ser Asn Ile Ser Gly Ser Gly His Ser Thr Lys Tyr Ala Glu Ser Met

                  50                    55                    60

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

65                    70                    75                    80

Leu Gln Leu Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys

                  85                    90                    95

Val Arg Gly Gly Gly Tyr Arg Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr

                  100                    105                    110

Val Thr Val Ser Ser Gly Thr Gly Gly Ser Gly Gly Thr Gly Ser Gly

                  115                    120                    125

Thr Gly Gly Ser Thr Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Arg Ser Val Pro

130                    135                    140

Gly Ser Pro Gly Gln Ser Val Thr Ile Ser Cys Thr Gly Thr Ser Ser

145                    150                    155                    160

Asp Val Gly Gly Tyr Asn Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln His Pro Gly

                  165                    170                    175

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

                  180                    185                    190

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

195                    200                    205

Thr Val Ser Gly Leu Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ser

210                    215                    220

Ser Tyr Ala Gly Ser Asn Asn Phe Val Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys

225                    230                    235                    240

Leu Thr Val Leu

<210> 356

<211> 747

<212> DNA

<213> Artificial sequence

<220><223> SC06-050

<220><221> CDS

<222> (1)..(747)

<223>

<400>

356

gag gtg cag ctg gtg gag tct gga cct gag gtg aag aag cct ggg gcc 48  
 Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Pro Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala  
 1 5 10 15

tca gtg aag gtc tcc tgc gag gct tct ggt tac aac ctg gac aat tat 96  
 Ser Val Lys Val Ser Cys Glu Ala Ser Gly Tyr Asn Leu Asp Asn Tyr  
 20 25 30

ggt atc acc tgg gtg cga cag gcc cct gga caa ggg ctt gag tgg ctg 144

Gly Ile Thr Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Leu  
 35 40 45

gga tgg atc agc gcc tac aat gct aag aca gag tat gga cag agg ctc 192  
 Gly Trp Ile Ser Ala Tyr Asn Ala Lys Thr Glu Tyr Gly Gln Arg Leu  
 50 55 60

cag ggc aga gtc acc atg acc aca gac act gcc acg agc aca gcc tac 240  
 Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Thr Asp Thr Ala Thr Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

ctg gaa ctg agg agc cta aga tct gac gac acg gcc gtc tat tat tgt 288  
 Leu Glu Leu Arg Ser Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys  
 85 90 95

gcg aga gtt ctc ggg tat aga ggg ggc tgg tac gac gag ggt gat gct 336  
 Ala Arg Val Leu Gly Tyr Arg Gly Gly Trp Tyr Asp Glu Gly Asp Ala  
 100 105 110

ttt gat gtc tgg ggc caa ggg aca atg gtc acc gtc tcg agc ggt acg 384  
 Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Met Val Thr Val Ser Ser Gly Thr  
 115 120 125  
 ggc ggt tca ggc gga acc ggc agc ggc act ggc ggg tcg acg gac atc 432  
 Gly Gly Ser Gly Gly Thr Gly Ser Gly Thr Gly Gly Ser Thr Asp Ile  
 130 135 140  
 cag ttg acc cag tct ccg tcc ttc ctg tct gca tct gta gga gac aga 480  
  
 Gln Leu Thr Gln Ser Pro Ser Phe Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg  
 145 150 155 160  
 gtc acc atc act tgc cgg gcc agt cag ggc att aga agt cat tta gcc 528  
 Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Gly Ile Arg Ser His Leu Ala  
 165 170 175  
 tgg tat cag cag aaa gca ggg aaa gcc cct aag ctc ctg atc tat gct 576  
 Trp Tyr Gln Gln Lys Ala Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Ala  
 180 185 190  
 gca tcc act ttg caa agt ggg gtc cca tca agg ttc agc ggc agt gga 624  
 Ala Ser Thr Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly  
 195 200 205  
 tct ggg aca gag ttc act ctc aca atc agc agc ctg cag cct gac gat 672  
 Ser Gly Thr Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Asp Asp  
 210 215 220  
  
 ttt gca get tat tac tgt caa caa ctt aat act tac ccg atc acc ttc 720  
 Phe Ala Ala Tyr Tyr Cys Gln Gln Leu Asn Thr Tyr Pro Ile Thr Phe  
 225 230 235 240  
 ggc caa ggg aca cga ctg gag att aaa 747  
 Gly Gln Gly Thr Arg Leu Glu Ile Lys  
 245  
 <210> 357  
 <211> 249  
 <212> PRT  
 <213> Artificial sequence

<220><223> SC06-050

<400> 357

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Pro Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala

1                    5                    10                    15

Ser Val Lys Val Ser Cys Glu Ala Ser Gly Tyr Asn Leu Asp Asn Tyr

                  20                    25                    30

Gly Ile Thr Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Leu

                  35                    40                    45

Gly Trp Ile Ser Ala Tyr Asn Ala Lys Thr Glu Tyr Gly Gln Arg Leu

                  50                    55                    60

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

65                    70                    75                    80

Leu Glu Leu Arg Ser Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

                  85                    90                    95

Ala Arg Val Leu Gly Tyr Arg Gly Gly Trp Tyr Asp Glu Gly Asp Ala

                  100                    105                    110

Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Met Val Thr Val Ser Ser Gly Thr

                  115                    120                    125

Gly Gly Ser Gly Gly Thr Gly Ser Gly Thr Gly Gly Ser Thr Asp Ile

                  130                    135                    140

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

145                    150                    155                    160

Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Gly Ile Arg Ser His Leu Ala

                  165                    170                    175

Trp Tyr Gln Gln Lys Ala Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Ala

                  180                    185                    190

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

                  195                    200                    205

Ser Gly Thr Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Asp Asp

                  210                    215                    220

Phe Ala Ala Tyr Tyr Cys Gln Gln Leu Asn Thr Tyr Pro Ile Thr Phe

225                    230                    235                    240

Gly Gln Gly Thr Arg Leu Glu Ile Lys

245

<210> 358

<211> 744

<212> DNA

<213> Artificial sequence

<220><223> SC06-077

<220><221> CDS

<222> (1)..(744)

<223>

<400> 358

cag gtg cag ctg gtg cag tct ggg gct gag gtg aag aag cct ggg tcc 48

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ser

1 5 10 15

tcg gtg aag gtc tcc tgc aag gct tct gga ggc acc ttc agc agc tat 96

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Gly Thr Phe Ser Ser Tyr

20 25 30

gct atc agc tgg gtg cga cag gcc cct gga caa ggg ctt gag tgg atg 144

Ala Ile Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

gga ggg atc atc cct atc ttt ggt aca gca aac tac gca cag aag ttc 192

Gly Gly Ile Ile Pro Ile Phe Gly Thr Ala Asn Tyr Ala Gln Lys Phe

50 55 60

cag ggc aga gtc acg att acc gcg gac gaa tcc acg agc aca gcc tac 240

Gln Gly Arg Val Thr Ile Thr Ala Asp Glu Ser Thr Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

atg gag ctg agc agc ctg aga tct gag gac acg gcc gtg tat tac tgt 288

Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

gcg aga gag ggt ggt gtg ggc cca gct ttt gat atc tgg ggc caa ggg 336

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



<213> Artificial sequence

<220><223> SC06-077

<400> 359

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

225                    230                    235                    240

Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

                         245

<210> 360

<211> 726

<212> DNA

<213> Artificial sequence

<220><223> SC06-079

<220><221> CDS

<222> (1)..(726)

<223>

<400> 360

gag gtg cag ctg gtg gag tct ggg gga ggc ttg gta cag cct ggg ggg            48

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly

1                    5                    10                    15

tcc ctg aga ctc tcc tgt gca gcc tct gga ttc acc ttt agc agc tat            96

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr

                         20                    25                    30

gcc atg agc tgg gtc cgc cag gct cca ggg aag ggg ctg gag tgg gtc            144

Ala Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

                         35                    40                    45

tca gct att agt ggt act ggt ggt agc gca tac tac gca gac tcc gtg            192

Ser Ala Ile Ser Gly Thr Gly Gly Ser Ala Tyr Tyr Ala Asp Ser Val

                         50                    55                    60

aag ggc cgg ttc acc atc tcc aga gac aat tcc aag aac acg gtg tat            240

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Val Tyr

65                    70                    75                    80

ctg cag atg aac agc ctg aga gcc gag gac acg gcc gta tat tac tgt            288

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

                         85                    90                    95

gcg aaa gga cat agt agt ggg acc aac tgg ggc cag gga acc ctg gtc            336



Ala Lys Gly His Ser Ser Gly Thr Asn Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val  
 100 105 110  
 acc gtc tcg agc ggt acg ggc ggt tca ggc gga acc ggc agc ggc act 384  
 Thr Val Ser Ser Gly Thr Gly Gly Ser Gly Gly Thr Gly Ser Gly Thr  
 115 120 125  
 ggc ggg tcg acg tcc tat gtg ctg act cag cca ccc tca gcg tct ggg 432  
 Gly Gly Ser Thr Ser Tyr Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Ser Gly  
 130 135 140  
 acc ccc ggg cag agg gtc acc atc tct tgt tct gga agc tcc tcc aac 480  
 Thr Pro Gly Gln Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn  
 145 150 155 160  
 atc gga agt aat ttt gta tac tgg tac cag cag ctc cca gga acg gcc 528  
 Ile Gly Ser Asn Phe Val Tyr Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala  
 165 170 175  
 ccc aaa ctc ctc atc tat agg aat aat cag cgg ccc tca ggg gtc cct 576  
 Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Arg Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro  
 180 185 190  
 gac cga ttc tct ggc tcc aag tct ggc acc tca gcc tcc ctg gcc atc 624  
 Asp Arg Phe Ser Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile  
 195 200 205  
 agt ggg ctc cgg tcc gag gat gag gct gat tat tac tgt gca gca tgg 672  
 Ser Gly Leu Arg Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Ala Trp  
 210 215 220  
 gat gac agc ctg agt ggt gtg cta ttc ggc gga ggc acc cag ctg acc 720  
 Asp Asp Ser Leu Ser Gly Val Leu Phe Gly Gly Gly Thr Gln Leu Thr  
 225 230 235 240  
 gtc ctc 726  
 Val Leu

<210> 361

<211> 242

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220><223> SC06-079

<400> 361

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

Asp Asp Ser Leu Ser Gly Val Leu Phe Gly Gly Gly Thr Gln Leu Thr  
 225                      230                      235                      240

Val Leu

<210> 362

<211> 729

<212> DNA

<213> Artificial sequence

<220><223> SC06-086

<220><221> CDS

<222> (1)..(729)

<223>

<400> 362

gag gtg cag ctg gtg gag tct ggg gct gag gtg aag aag cct ggg tcc 48

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ser

1                      5                      10                      15

tcg gtg aag gtc tcc tgc aag gct tct gga ggc acc ttc agc agc tat 96

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Gly Thr Phe Ser Ser Tyr

20                      25                      30

gct atc agc tgg gtg cga cag gcc cct gga caa ggg ctt gag tgg atg 144

Ala Ile Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35                      40                      45

gga ggg atc atc cct atc ttt ggt aca gca aac tac gca cag aag ttc 192

Gly Gly Ile Ile Pro Ile Phe Gly Thr Ala Asn Tyr Ala Gln Lys Phe

50                      55                      60

cag ggc aga gtc acg att acc gcg gac gaa tcc acg agc aca gcc tac 240

Gln Gly Arg Val Thr Ile Thr Ala Asp Glu Ser Thr Ser Thr Ala Tyr

65                      70                      75                      80

atg gag ctg agc agc ctg aga tct gag gac acg gcc gtg tat tac tgt 288

Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85                      90                      95

gcg aga ggg tac gca gcc acc gac tac ggt atg gac gtc tgg ggc caa 336

Ala Arg Gly Tyr Ala Ala Thr Asp Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly Gln  
 100 105 110

ggg acc acg gtc acc gtc tcg agc ggt acg ggc ggt tca ggc gga acc 384  
 Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Thr Gly Gly Ser Gly Gly Thr  
 115 120 125

ggc agc ggc act ggc ggg tcg acg gac atc cag ttg acc cag tct cct 432  
 Gly Ser Gly Thr Gly Gly Ser Thr Asp Ile Gln Leu Thr Gln Ser Pro  
 130 135 140

tcc acc ctg tct gca tct gta gga gac aga gtc acc atc act tgc cgg 480  
 Ser Thr Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg  
 145 150 155 160

gca agt cag agc att agc agc tat tta aat tgg tat cag cag aaa cca 528  
 Ala Ser Gln Ser Ile Ser Ser Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro  
 165 170 175

ggg aaa gcc cct aag ctc ctg atc tat gct gca tcc agt ttg caa agt 576  
 Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Ala Ala Ser Ser Leu Gln Ser  
 180 185 190

ggg gtc cca tca agg ttc agt ggc agt gga tct ggg aca gat ttc act 624  
 Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr  
 195 200 205

ctc acc atc agc agt ctg caa cct gaa gat ttt gca act tac tac tgt 672

Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys  
 210 215 220

caa cag agt tac agt acc cca ttc act ttc ggc cct ggg acc aaa gtg 720  
 Gln Gln Ser Tyr Ser Thr Pro Phe Thr Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val  
 225 230 235 240

gat atc aaa 729  
 Asp Ile Lys

<210> 363

<211> 243

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220><223> SC06-086

<400> 363

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ser

1                    5                    10                    15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Gly Thr Phe Ser Ser Tyr

                  20                    25                    30

Ala Ile Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

                  35                    40                    45

Gly Gly Ile Ile Pro Ile Phe Gly Thr Ala Asn Tyr Ala Gln Lys Phe

                  50                    55                    60

Gln Gly Arg Val Thr Ile Thr Ala Asp Glu Ser Thr Ser Thr Ala Tyr

65                    70                    75                    80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

                  85                    90                    95

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

                  100                    105                    110

Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Thr Gly Gly Ser Gly Gly Thr

                  115                    120                    125

Gly Ser Gly Thr Gly Gly Ser Thr Asp Ile Gln Leu Thr Gln Ser Pro

                  130                    135                    140

Ser Thr Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg

145                    150                    155                    160

Ala Ser Gln Ser Ile Ser Ser Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

                  165                    170                    175

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

                  180                    185                    190

Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr



Ala Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr  
 85 90 95  
 tat tgt gtt agg cga gag tat gac act ggc tgg ctt gac tac tgg ggc 336

Tyr Cys Val Arg Arg Glu Tyr Asp Thr Gly Trp Leu Asp Tyr Trp Gly  
 100 105 110  
 cag gga acc ctg gtc acc gtc tcg agc ggt acg ggc ggt tca ggc gga 384

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Thr Gly Gly Ser Gly Gly  
 115 120 125  
 acc ggc agc ggc act ggc ggg tcg acg cag tct gcc ctg act cag cct 432

Thr Gly Ser Gly Thr Gly Gly Ser Thr Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro  
 130 135 140  
 ccc tcc gcg tcc ggg tct cct gga cag tcg gtc acc atc tcc tgc act 480

Pro Ser Ala Ser Gly Ser Pro Gly Gln Ser Val Thr Ile Ser Cys Thr  
 145 150 155 160  
 gga acc agc agt gac gtt ggt ggt tat aac tat gtc tcc tgg tac caa 528

Gly Thr Ser Ser Asp Val Gly Gly Tyr Asn Tyr Val Ser Trp Tyr Gln  
 165 170 175  
 cgg cac cca ggc aaa gcc ccc aaa ctc atg att tat gat gtc act gat 576

Arg His Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Met Ile Tyr Asp Val Thr Asp  
 180 185 190  
 cgg ccc tca ggg gtt tct aat cgc ttc tct ggc tcc aag tct ggc aac 624

Arg Pro Ser Gly Val Ser Asn Arg Phe Ser Gly Ser Lys Ser Gly Asn  
 195 200 205  
 acg gcc tcc ctg acc atc tct ggg ctc cag gct gag gac gag gct gat 672

Thr Ala Ser Leu Thr Ile Ser Gly Leu Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp  
 210 215 220  
 tat tac tgc agc tca tat aca agc agc agc act tcc gcg gtt ttc ggc 720

Tyr Tyr Cys Ser Ser Tyr Thr Ser Ser Ser Thr Ser Ala Val Phe Gly  
 225 230 235 240  
 gga ggg acc aag ctg acc gtc cta 744

Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

245

<210> 365

<211> 248

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220><223> SC06-092

<400> 365

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg

1                    5                    10                    15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Thr Gly Ser Gly Phe Thr Phe Gly Asp Tyr

                  20                    25                    30

Ala Met Ser Trp Phe Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

                  35                    40                    45

Gly Phe Ile Arg Asn Lys Ala Tyr Gly Gly Thr Ala Glu Tyr Ala Ala

                  50                    55                    60

Ser Val Lys Asp Arg Phe Ile Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Ser Ile

65                    70                    75                    80

Ala Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr

                  85                    90                    95

Tyr Cys Val Arg Arg Glu Tyr Asp Thr Gly Trp Leu Asp Tyr Trp Gly

                  100                    105                    110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Thr Gly Gly Ser Gly Gly

                  115                    120                    125

Thr Gly Ser Gly Thr Gly Gly Ser Thr Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro

                  130                    135                    140

Pro Ser Ala Ser Gly Ser Pro Gly Gln Ser Val Thr Ile Ser Cys Thr

145                    150                    155                    160

Gly Thr Ser Ser Asp Val Gly Gly Tyr Asn Tyr Val Ser Trp Tyr Gln

                  165                    170                    175

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



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

Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu  
 245

<210> 366

<211> 729

<212> DNA

<213> Artificial sequence

<220><223> SC06-191

<220><221> CDS

<222> (1)..(729)

<223>

<400> 366

gag gtg cag ctg gtg gag tct ggg gga ggc gtg gtc cag cct ggg agg 48

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg

1 5 10 15

tcc ctg aga ctc tcc tgt gta ggc tct gaa ttc acc ttc agt aat tac 96

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Val Ala Ser Glu Phe Thr Phe Ser Asn Tyr

20 25 30

ggc atg cac tgg gtc cgc cag gct cca ggc aag ggg ctg gag tgg gtg 144

Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

gca gtt ata tgg tat gat gga agt aat gaa gac tat gca gac tcc gtg 192

Ala Val Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Glu Asp Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60

aag ggc cga ttc acc atc tcc aga gac aat tcc aag aac acg gtg tat 240

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Val Tyr



gat atc aaa

729

Asp Ile Lys

<210> 367

<211> 243

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220><223> SC06-191

<400> 367

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg

1                    5                    10                    15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Val Ala Ser Glu Phe Thr Phe Ser Asn Tyr

                  20                    25                    30

Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

                  35                    40                    45

Ala Val Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Glu Asp Tyr Ala Asp Ser Val

                  50                    55                    60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Val Tyr

65                    70                    75                    80

Leu His Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys

                  85                    90                    95

Thr Arg Gly Gln Tyr Ser Ser Thr Trp Phe Leu Asp Tyr Trp Gly Gln

                  100                    105                    110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Thr Gly Gly Ser Gly Gly Thr

                  115                    120                    125

Gly Ser Gly Thr Gly Gly Ser Thr Asp Ile Gln Leu Thr Gln Ser Pro

                  130                    135                    140

Ser Thr Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg

145                    150                    155                    160

Ala Ser Gln Ser Ile Ser Ser Trp Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

                  165                    170                    175

Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Lys Ala Ser Ser Leu Glu Thr  
 180 185 190  
 Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr  
 195 200 205  
 Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys  
 210 215 220

Gln Gln Ala Asn Ser Phe Pro Leu Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val  
 225 230 235 240  
 Asp Ile Lys

<210> 368

<211> 723

<212> DNA

<213> Artificial sequence

<220><223> SC06-195

<220><221> CDS

<222> (1)..(723)

<223>

<400> 368

gag gtg cag ctg gtg gag tct ggg gga ggc gtg gtc cag cct ggg agg 48  
 Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg  
 1 5 10 15

tcc ctg aga ctc tcc tgt gca gcg tct gga ttc acc ttc agt agc tat 96  
 Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr  
 20 25 30

ggc atg cac tgg gtc cgc cag gct cca ggc aag ggg ctg gag tgg gtg 144  
 Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
 35 40 45

gca gtt ata tgg tat gat gga agt aat aaa tac tat gca gac tcc gtg 192

Ala Val Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
 50 55 60  
 aag ggc cga ttc acc atc tcc aga gac aat tcc cag aac acg ctg tat 240





165 170 175  
 Lys Leu Leu Ile Tyr Arg Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp  
 180 185 190  
 Arg Phe Ser Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser  
 195 200 205  
 Gly Leu Arg Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Ala Trp Asp

210 215 220  
 Asp Ser Leu Ser Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Gln Leu Thr Val  
 225 230 235 240  
 Leu

<210> 370

<211> 729

<212> DNA

<213> Artificial sequence

<220><223> SC06-198

<220><221> CDS

<222> (1)..(729)

<223>

<400> 370

cag ctg cag ctg cag gag tcg ggc cca gga ctg gtg aag cct tcg gag 48  
 Gln Leu Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu

1 5 10 15  
 acc ctg tcc ctc acc tgc gct gtc tct ggt tac tcc atc acc agt ggt 96  
 Thr Leu Ser Leu Thr Cys Ala Val Ser Gly Tyr Ser Ile Thr Ser Gly

20 25 30  
 tac tat tgg ggc tgg gtc cgg cag ccc cca ggg aag ggg ctg gag tgg 144  
 Tyr Tyr Trp Gly Trp Val Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp

35 40 45  
 att ggg agt atc tat cac act ggg agc acc tac tac aac ccg tcc ctc 192  
 Ile Gly Ser Ile Tyr His Thr Gly Ser Thr Tyr Tyr Asn Pro Ser Leu

50 55 60

aag agt cga gtc acc ata tca gta gac acg tcc aag aac cag ttc tcc 240  
Lys Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser  
65 70 75 80  
ctg aag ctg aac tct ctg acc gcc gca gac acg gcc gtg tat ttc tgt 288  
  
Leu Lys Leu Asn Ser Leu Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys  
85 90 95  
gcg agc caa agt cct gct ttt gat ttc tgg ggc caa ggg aca atg gtc 336  
Ala Ser Gln Ser Pro Ala Phe Asp Phe Trp Gly Gln Gly Thr Met Val  
100 105 110  
acc gtc tcg agc ggt acg ggc ggt tca ggc gga acc ggc agc ggc act 384  
Thr Val Ser Ser Gly Thr Gly Gly Ser Gly Gly Thr Gly Ser Gly Thr  
115 120 125  
ggc ggg tcg acg cag tct gtg ttg acg cag ccg ccc tca gtg tct ggg 432  
Gly Gly Ser Thr Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Gly  
130 135 140  
gcc cca ggg cag agg gtc acc atc tcc tgc act ggg agc agc tcc aac 480  
Ala Pro Gly Gln Arg Val Thr Ile Ser Cys Thr Gly Ser Ser Ser Asn  
145 150 155 160  
  
atc ggg aca ggt tat gat gta cac tgg tac cag cag ctt cca gga aca 528  
Ile Gly Thr Gly Tyr Asp Val His Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr  
165 170 175  
gcc ccc aaa ctc ctc atc tat ggt aac aac aat cgg ccc tca ggg gtc 576  
Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Gly Asn Asn Asn Arg Pro Ser Gly Val  
180 185 190  
cct gac cga ttc tct ggc tcc aag tct ggc acc tca gcc tcc ctg gcc 624  
  
Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala  
195 200 205  
atc act gga ctc cag gct gag gat gag gct gat tat tac tgt gca aca 672  
Ile Thr Gly Leu Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Thr  
210 215 220  
tgg gat gac agc ctg aat ggt tgg gtg ttc ggc gga ggg acc aag ctg 720





Ile Gly Thr Gly Tyr Asp Val His Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr  
 165 170 175  
 Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Gly Asn Asn Asn Arg Pro Ser Gly Val  
 180 185 190  
 Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala  
 195 200 205

Ile Thr Gly Leu Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Thr  
 210 215 220  
 Trp Asp Asp Ser Leu Asn Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu  
 225 230 235 240  
 Thr Val Pro

<210> 372

<211> 711

<212> DNA

<213> Artificial sequence

<220><223> SC06-242

<220><221> CDS

<222> (1)..(711)

<223>

<400> 372

gag gtg cag ttg gtg gag tcg ggc cca gga ctg gtg aag cct tcg gag 48

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu  
 1 5 10 15  
 acc ctg tcc ctc acc tgc act gtc tct ggt ggc tcc atc agt agt tac 96  
 Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Ser Tyr  
 20 25 30  
 tac tgg agc tgg atc cgg cag ccc cca ggg aag gga ctg gag tgg att 144  
 Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile  
 35 40 45  
 ggc tat atc tat tac act ggg acc acc aac tac aac ccc tcc ctc aac 192  
 Gly Tyr Ile Tyr Tyr Thr Gly Thr Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Asn



act gcc gtc ttc gga act ggg acc aag gtc acc gtc cta

711

Thr Ala Val Phe Gly Thr Gly Thr Lys Val Thr Val Leu

225                      230                      235

<210> 373

<211> 237

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220><223> SC06-242

<400> 373

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu

1                      5                      10                      15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Ser Tyr

20                      25                      30

Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile

35                      40                      45

Gly Tyr Ile Tyr Tyr Thr Gly Thr Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Asn

50                      55                      60

Ser Arg Val Thr Ile Ser Ala Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu

65                      70                      75                      80

Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala

85                      90                      95

Arg Gly Gly Gln Thr Ala Gly Val Trp Gly Lys Gly Thr Thr Val Thr

100                      105                      110

Val Ser Ser Gly Thr Gly Gly Ser Gly Gly Thr Gly Ser Gly Thr Gly

115                      120                      125

Gly Ser Thr Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ala

130                      135                      140

Pro Gly Gln Thr Ala Arg Ile Thr Cys Gly Gly Tyr Asn Ile Gly Arg

145                      150                      155                      160

Lys Ser Val His Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Leu Ala Pro Val Leu

165                      170                      175

Val Val Tyr Asp Asn Ser Asp Arg Pro Ser Gly Ile Pro Ala Arg Phe  
 180 185 190  
 Ser Gly Ser Asn Ser Gly Asn Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr  
 195 200 205  
 Gln Ala Met Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Asp Arg Gly  
 210 215 220

Thr Ala Val Phe Gly Thr Gly Thr Lys Val Thr Val Leu  
 225 230 235

<210> 374

<211> 735

<212> DNA

<213> Artificial sequence

<220><223> SC06-246

<220><221> CDS

<222> (1)..(735)

<223>

<400> 374

gag gtg cag ctg gtg gag tct gga gga ggc ttg atc cag cct ggg ggg 48

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Ile Gln Pro Gly Gly  
 1 5 10 15

tcc ctg aga ctc tcc tgt gca gcc tct ggg ttc acc gtc agt agc gac 96

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Val Ser Ser Asp  
 20 25 30

ttc atg acc tgg gtc cgc cag gct cca ggg agg ggg ctg gag tgg gtc 144

Phe Met Thr Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Arg Gly Leu Glu Trp Val  
 35 40 45

tca ctt att tat agc ggt ggt aaa aca aac tac gca gac tcc gtg aag 192

Ser Leu Ile Tyr Ser Gly Gly Lys Thr Asn Tyr Ala Asp Ser Val Lys  
 50 55 60

ggc cga ttc acc atc tcc aga gac aat tcc agg aac acg ctg tat ctt 240

Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Arg Asn Thr Leu Tyr Leu  
 65 70 75 80

caa atg aac agc ctg aga gcc gag gac acg gcc gtg tat tac tgt gcg 288  
 Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala  
                   85                  90                  95

aga tcg gtg tgt agt act atc agc tgc tca aaa ctt gac gac tgg ggc 336  
 Arg Ser Val Cys Ser Thr Ile Ser Cys Ser Lys Leu Asp Asp Trp Gly  
                   100                  105                  110

cag gga acc ctg gtc acc gtc tcg agc ggt acg gcc ggt tca ggc gga 384  
 Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Thr Gly Gly Ser Gly Gly  
                   115                  120                  125

acc ggc agc ggc act ggc ggg tcg acg cag gct gtg ctg act cag ccg 432

Thr Gly Ser Gly Thr Gly Gly Ser Thr Gln Ala Val Leu Thr Gln Pro  
           130                  135                  140

tcc tcg gtg tca gtg gcc cca gga cag acg gcc agg att acc tgt ggg 480  
 Ser Ser Val Ser Val Ala Pro Gly Gln Thr Ala Arg Ile Thr Cys Gly  
 145                  150                  155                  160

gga aac aac att gga aga aaa agt gtg cac tgg tac cag cag aag cca 528  
 Gly Asn Asn Ile Gly Arg Lys Ser Val His Trp Tyr Gln Gln Lys Pro  
                   165                  170                  175

ggc ctg gcc cct gtg ctg gtc gtc aat gat aat agc gac cgg ecc tca 576  
 Gly Leu Ala Pro Val Leu Val Val Asn Asp Asn Ser Asp Arg Pro Ser  
                   180                  185                  190

ggg atc cct gcg cga ttc tct ggc tcc aac tct ggg aac acg gcc acc 624  
 Gly Ile Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Asn Ser Gly Asn Thr Ala Thr  
                   195                  200                  205

ctg acc atc agc agg gtc gaa gcc ggg gat gag gcc gac tat tac tgt 672  
 Leu Thr Ile Ser Arg Val Glu Ala Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys  
           210                  215                  220

cac gtg tgg ggt agt agt cgt gac cat tat gtc ttc gga act ggg acc 720  
 His Val Trp Gly Ser Ser Arg Asp His Tyr Val Phe Gly Thr Gly Thr  
 225                  230                  235                  240

aag gtc acc gtc cta

735

Lys Val Thr Val Leu

245

<210> 375

<211> 245

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220><223> SC06-246

<400> 375

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Ile Gln Pro Gly Gly

1                    5                    10                    15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Val Ser Ser Asp

20                    25                    30

Phe Met Thr Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Arg Gly Leu Glu Trp Val

35                    40                    45

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

50                    55                    60

Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Arg Asn Thr Leu Tyr Leu

65                    70                    75                    80

Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala

85                    90                    95

Arg Ser Val Cys Ser Thr Ile Ser Cys Ser Lys Leu Asp Asp Trp Gly

100                    105                    110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Thr Gly Gly Ser Gly Gly

115                    120                    125

Thr Gly Ser Gly Thr Gly Gly Ser Thr Gln Ala Val Leu Thr Gln Pro

130                    135                    140

Ser Ser Val Ser Val Ala Pro Gly Gln Thr Ala Arg Ile Thr Cys Gly

145                    150                    155                    160

Gly Asn Asn Ile Gly Arg Lys Ser Val His Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165                    170                    175

Gly Leu Ala Pro Val Leu Val Val Asn Asp Asn Ser Asp Arg Pro Ser  
 180 185 190  
 Gly Ile Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Asn Ser Gly Asn Thr Ala Thr  
 195 200 205  
 Leu Thr Ile Ser Arg Val Glu Ala Gly Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys  
 210 215 220

His Val Trp Gly Ser Ser Arg Asp His Tyr Val Phe Gly Thr Gly Thr  
 225 230 235 240

Lys Val Thr Val Leu  
 245

<210> 376

<211> 735

<212> DNA

<213> Artificial sequence

<220><223> SC06-388

<220><221> CDS

<222> (1)..(735)

<223>

<400> 376

gag gtg cag ctg gtg gag act gga gca gag gtg aaa aag ccc ggg gag 48

Glu Val Gln Leu Val Glu Thr Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Glu

1 5 10 15

tct ctg agg atc tcc tgt aag ggt tct gga tac agc ttt acc agc tac 96

Ser Leu Arg Ile Ser Cys Lys Gly Ser Gly Tyr Ser Phe Thr Ser Tyr

20 25 30

tgg atc gcc tgg gtg cgc cag atg ccc ggg aaa ggc ctg gag tgg atg 144

Trp Ile Ala Trp Val Arg Gln Met Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

gga gtc atc tat cct ggt gac tct gat gcc aga tac agc ccg tcc ttc 192

Gly Val Ile Tyr Pro Gly Asp Ser Asp Ala Arg Tyr Ser Pro Ser Phe

50 55 60

caa ggc cag gtc acc atg tca gtc gac aag tcc atc agc acc gcc tac 240









caa ggc cag gtc acc atc tca gcc gac aag tcc atc agc acc gcc cac 240  
 Gln Gly Gln Val Thr Ile Ser Ala Asp Lys Ser Ile Ser Thr Ala His  
 65 70 75 80  
 ctg cag tgg agc agc ctg aag gcc tcg gac acc gcc atg tat tac tgt 288  
  
 Leu Gln Trp Ser Ser Leu Lys Ala Ser Asp Thr Ala Met Tyr Tyr Cys  
 85 90 95  
 gcg agg cca gga ccc cgt gga tac aac cat ggc ttt gac tac tgg ggc 336  
 Ala Arg Pro Gly Pro Arg Gly Tyr Asn His Gly Phe Asp Tyr Trp Gly  
 100 105 110  
 cag gga acc ctg gtc acc gtc tcg agc ggt acg ggc ggt tca ggc gga 384  
 Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Thr Gly Gly Ser Gly Gly  
  
 115 120 125  
 acc ggc agc ggc act ggc ggg tcg acg tct tct gag ctg act cag gac 432  
 Thr Gly Ser Gly Thr Gly Gly Ser Thr Ser Ser Glu Leu Thr Gln Asp  
 130 135 140  
 cct gct gag tct gtg gcc ttg gga cag aca gtc aag atc aca tgc caa 480  
 Pro Ala Glu Ser Val Ala Leu Gly Gln Thr Val Lys Ile Thr Cys Gln  
 145 150 155 160  
  
 gga gac agt ctc aga agg tat tat gca agt tgg tac cag cag aag cca 528  
 Gly Asp Ser Leu Arg Arg Tyr Tyr Ala Ser Trp Tyr Gln Gln Lys Pro  
 165 170 175  
 gga cag gcc cct gtt ctt gtc atc tat ggc aaa aac aac cgg ecc tca 576  
 Gly Gln Ala Pro Val Leu Val Ile Tyr Gly Lys Asn Asn Arg Pro Ser  
 180 185 190  
 ggg atc cca gac cga ttc tct ggc tcc agg tca gga aac aca gct tcc 624  
  
 Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Arg Ser Gly Asn Thr Ala Ser  
 195 200 205  
 ttg acc ata act ggg gct cag gcg gaa gat gag gct gtc tat tac tgt 672  
 Leu Thr Ile Thr Gly Ala Gln Ala Glu Asp Glu Ala Val Tyr Tyr Cys  
 210 215 220  
 aac tcc cgg gac agc agt ggt aac tct gtg gtc ttc ggc gga ggg acc 720

Asn Ser Arg Asp Ser Ser Gly Asn Ser Val Val Phe Gly Gly Gly Thr

225                    230                    235                    240

aag ctg acc gtc cta

735

Lys Leu Thr Val Leu

245

<210> 379

<211> 245

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220><223> SC06-389

<400> 379

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Glu

1                    5                    10                    15

Ser Leu Lys Ile Ser Cys Lys Gly Ser Gly Tyr Ser Phe Ser Thr Tyr

20                    25                    30

Trp Ile Gly Trp Val Arg Gln Met Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Met

35                    40                    45

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

50                    55                    60

Gln Gly Gln Val Thr Ile Ser Ala Asp Lys Ser Ile Ser Thr Ala His

65                    70                    75                    80

Leu Gln Trp Ser Ser Leu Lys Ala Ser Asp Thr Ala Met Tyr Tyr Cys

85                    90                    95

Ala Arg Pro Gly Pro Arg Gly Tyr Asn His Gly Phe Asp Tyr Trp Gly

100                    105                    110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Thr Gly Gly Ser Gly Gly

115                    120                    125

Thr Gly Ser Gly Thr Gly Gly Ser Thr Ser Ser Glu Leu Thr Gln Asp

130                    135                    140

Pro Ala Glu Ser Val Ala Leu Gly Gln Thr Val Lys Ile Thr Cys Gln

145                    150                    155                    160

Gly Asp Ser Leu Arg Arg Tyr Tyr Ala Ser Trp Tyr Gln Gln Lys Pro  
 165 170 175  
 Gly Gln Ala Pro Val Leu Val Ile Tyr Gly Lys Asn Asn Arg Pro Ser  
 180 185 190  
 Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Arg Ser Gly Asn Thr Ala Ser  
 195 200 205

Leu Thr Ile Thr Gly Ala Gln Ala Glu Asp Glu Ala Val Tyr Tyr Cys  
 210 215 220  
 Asn Ser Arg Asp Ser Ser Gly Asn Ser Val Val Phe Gly Gly Gly Thr  
 225 230 235 240  
 Lys Leu Thr Val Leu  
 245

<210> 380

<211> 735

<212> DNA

<213> Artificial sequence

<220><223> SC06-396

<220><221> CDS

<222> (1)..(735)

<223>

<400> 380

cag atg cag ctg gtg cag tct gga gca gag gtg aaa aag tcc ggg gag 48

Gln Met Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Ser Gly Glu  
 1 5 10 15

tct ctg aag atc tcc tgt aag ggt tct gga tac agc ttt agc acc tac 96

Ser Leu Lys Ile Ser Cys Lys Gly Ser Gly Tyr Ser Phe Ser Thr Tyr  
 20 25 30

tgg atc ggc tgg gtg cgc cag atg ccc ggg aaa ggc ctg gag tgg atg 144

Trp Ile Gly Trp Val Arg Gln Met Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Met  
 35 40 45

ggg atc atc tat cct ggt gac tct gat acc aga tac aac ccg tcc ttc 192

Gly Ile Ile Tyr Pro Gly Asp Ser Asp Thr Arg Tyr Asn Pro Ser Phe

50                      55                      60  
 caa gcc cag gtc acc atc tca gcc gac aag tcc atc agc acc gcc tac      240  
 Gln Gly Gln Val Thr Ile Ser Ala Asp Lys Ser Ile Ser Thr Ala Tyr  
 65                      70                      75                      80  
  
 ctg cag tgg agt agc ctg aag gcc tgc gac acc gcc atg tat tat tgt      288  
 Leu Gln Trp Ser Ser Leu Lys Ala Ser Asp Thr Ala Met Tyr Tyr Cys  
                                  85                      90                      95  
 gcg aga cgg tcc gct cgg ggc ggg aac tgg tac ttc gat ctc tgg ggc      336  
 Ala Arg Arg Ser Ala Arg Gly Gly Asn Trp Tyr Phe Asp Leu Trp Gly  
                                  100                      105                      110  
 cgt gcc acc ctg gtc acc gtc tgc agc ggt acg gcc ggt tca gcc gga      384  
  
 Arg Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Thr Gly Gly Ser Gly Gly  
                                  115                      120                      125  
 acc gcc agc gcc act gcc ggg tgc acg gaa att gtg ttg aca cag tct      432  
 Thr Gly Ser Gly Thr Gly Gly Ser Thr Glu Ile Val Leu Thr Gln Ser  
                                  130                      135                      140  
 cca gcc acc ctg tct ttg tct cca ggg gaa aga gcc acc ctc tcc tgc      480  
 Pro Gly Thr Leu Ser Leu Ser Pro Gly Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys  
  
 145                      150                      155                      160  
 agg gcc agt cag agt gtt agc agc agc tac tta gcc tgg tac cag cag      528  
 Arg Ala Ser Gln Ser Val Ser Ser Ser Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln  
                                  165                      170                      175  
 aaa cct gcc cag gct ccc agg ctc ctc atc tat ggt gca tcc agc agg      576  
 Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Arg  
                                  180                      185                      190  
  
 gcc act gcc atc cca gac agg ttc agt gcc agt ggg tct ggg aca gac      624  
 Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp  
                                  195                      200                      205  
 ttc act ctc acc atc agc aga ctg gag cct gaa gat ttt gca gtg tat      672  
 Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr  
                                  210                      215                      220

tac tgt cag caa tat ggt agg tca cct ctc act ttc ggc gga ggg acc 720

Tyr Cys Gln Gln Tyr Gly Arg Ser Pro Leu Thr Phe Gly Gly Gly Thr

225 230 235 240

aag gtg gag atc aaa 735

Lys Val Glu Ile Lys

245

<210> 381

<211> 245

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220><223> SC06-396

<400> 381

Gln Met Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Ser Gly Glu

1 5 10 15

Ser Leu Lys Ile Ser Cys Lys Gly Ser Gly Tyr Ser Phe Ser Thr Tyr

20 25 30

Trp Ile Gly Trp Val Arg Gln Met Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Ile Ile Tyr Pro Gly Asp Ser Asp Thr Arg Tyr Asn Pro Ser Phe

50 55 60

Gln Gly Gln Val Thr Ile Ser Ala Asp Lys Ser Ile Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Trp Ser Ser Leu Lys Ala Ser Asp Thr Ala Met Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Arg Ser Ala Arg Gly Gly Asn Trp Tyr Phe Asp Leu Trp Gly

100 105 110

Arg Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Thr Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125

Thr Gly Ser Gly Thr Gly Gly Ser Thr Glu Ile Val Leu Thr Gln Ser

130 135 140

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



145                    150                    155                    160  
 Arg Ala Ser Gln Ser Val Ser Ser Ser Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln  
                                  165                    170                    175  
 Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Arg  
                                  180                    185                    190  
 Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp

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

245

<210> 382

<211> 765

<212> DNA

<213> Artificial sequence

<220><223> SC06-402

<220><221> CDS

<222> (1)..(765)

<223>

<400> 382

cag gtc cag ctg gtg cag tct gga gca gag gtg aaa aag ccg ggg gag 48

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Glu

1                    5                    10                    15

tct ctg aag atc tcc tgt aag ggt tct gga tac agc ttt acc agc tac 96

Ser Leu Lys Ile Ser Cys Lys Gly Ser Gly Tyr Ser Phe Thr Ser Tyr

20                    25                    30

tgg atc ggc tgg gtg cgc cag atg ccc ggg aaa ggc ctg gag tgg atg 144

Trp Ile Gly Trp Val Arg Gln Met Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Met

35                    40                    45

ggg atc atc tat cct ggt gac tct gat acc aga tac agc ccg tcc ttc 192

Gly Ile Ile Tyr Pro Gly Asp Ser Asp Thr Arg Tyr Ser Pro Ser Phe  
 50 55 60  
 caa ggc cag gtc acc atc tca gcc gac aag tcc atc agc acc gcc tac 240  
 Gln Gly Gln Val Thr Ile Ser Ala Asp Lys Ser Ile Ser Thr Ala Tyr  
 65 70 75 80  
 ctg cag tgg agc agc ctg aag gcc tgc gac acc gcc atg tat tac tgt 288  
 Leu Gln Trp Ser Ser Leu Lys Ala Ser Asp Thr Ala Met Tyr Tyr Cys  
 85 90 95  
 gcg aga tgg ggg ggg gtt tgt agt agt acc agc tgc ccg aac cgt gat 336  
 Ala Arg Trp Gly Gly Val Cys Ser Ser Thr Ser Cys Pro Asn Arg Asp  
 100 105 110  
 gct ttt gat atc tgg ggc caa ggg aca atg gtc acc gtc tgc agc ggt 384  
 Ala Phe Asp Ile Trp Gly Gln Gly Thr Met Val Thr Val Ser Ser Gly  
 115 120 125  
 acg ggc ggt tca ggc gga acc ggc agc ggc act ggc ggg tgc acg cag 432  
 Thr Gly Gly Ser Gly Gly Thr Gly Ser Gly Thr Gly Gly Ser Thr Gln  
 130 135 140  
 tct gcc ctg act cag cct cgc tca gtg tcc ggg tct cct gga cag tca 480  
 Ser Ala Leu Thr Gln Pro Arg Ser Val Ser Gly Ser Pro Gly Gln Ser  
 145 150 155 160  
 gtc acc atc tcc tgc act gga acc agc agt gat gtt ggt ggt tat aac 528  
 Val Thr Ile Ser Cys Thr Gly Thr Ser Ser Asp Val Gly Gly Tyr Asn  
 165 170 175  
 tat gtc tcc tgg tac caa caa cac cca ggc aaa gcc ccc aaa ctc atg 576  
 Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln His Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Met  
 180 185 190  
 att tat gat gtc agt aat cgg ccc tca ggg gtt tct aat cgc ttc tct 624  
 Ile Tyr Asp Val Ser Asn Arg Pro Ser Gly Val Ser Asn Arg Phe Ser  
 195 200 205  
 ggc tcc aag tct ggc aac acg gcc tcc ctg acc atc tct ggg etc cag 672  
 Gly Ser Lys Ser Gly Asn Thr Ala Ser Leu Thr Ile Ser Gly Leu Gln



Ser Ala Leu Thr Gln Pro Arg Ser Val Ser Gly Ser Pro Gly Gln Ser  
 145                      150                      155                      160  
 Val Thr Ile Ser Cys Thr Gly Thr Ser Ser Asp Val Gly Gly Tyr Asn  
                                  165                      170                      175  
 Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln His Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Met  
                                  180                      185                      190

Ile Tyr Asp Val Ser Asn Arg Pro Ser Gly Val Ser Asn Arg Phe Ser  
                                  195                      200                      205  
 Gly Ser Lys Ser Gly Asn Thr Ala Ser Leu Thr Ile Ser Gly Leu Gln  
                                  210                      215                      220  
 Ala Glu Asp Glu Ala Glu Phe His Cys Ser Ser Tyr Arg Ser Ser Gly  
 225                      230                      235                      240  
 Ala Ser Pro Val Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu  
                                  245                      250                      255

<210> 384

<211> 747

<212> DNA

<213> Artificial sequence

<220><223> SC06-409

<220><221> CDS

<222> (1)..(747)

<223>

<400> 384

gag gtc cag ttg gtg cag tct gga gca gag gtg aaa aag ccc ggg gag            48  
 Glu Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Glu  
 1                      5                      10                      15  
 tct ctg aag atc tcc tgt aag ggt tct gga tac agc ttt acc aac tac            96  
 Ser Leu Lys Ile Ser Cys Lys Gly Ser Gly Tyr Ser Phe Thr Asn Tyr  
                                  20                      25                      30  
 tgg atc ggc tgg gtg cgc cag atg ccc ggg aaa ggc ctg gag tgg atg            144  
 Trp Ile Gly Trp Val Arg Gln Met Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Met  
                                  35                      40                      45

ggg atc atc tat cct ggt gac tct gat acc aga tac agc ccg tcc ttc 192  
 Gly Ile Ile Tyr Pro Gly Asp Ser Asp Thr Arg Tyr Ser Pro Ser Phe  
 50 55 60

caa ggc cag gtc acc atc tca gcc gac aag tcc atc agc acc gcc tac 240  
 Gln Gly Gln Val Thr Ile Ser Ala Asp Lys Ser Ile Ser Thr Ala Tyr  
 65 70 75 80

ctg cag tgg agc agc ctg aag gcc tcg gac acc gcc atg tat tac tgt 288  
 Leu Gln Trp Ser Ser Leu Lys Ala Ser Asp Thr Ala Met Tyr Tyr Cys  
 85 90 95

gcg aga cat acg cag aac aaa aat ggg atg aat act ttt gat atc tgg 336

Ala Arg His Thr Gln Asn Lys Asn Gly Met Asn Thr Phe Asp Ile Trp  
 100 105 110

ggc caa ggg aca atg gtc acc gtc tcg agc ggt acg ggc ggt tca ggc 384  
 Gly Gln Gly Thr Met Val Thr Val Ser Ser Gly Thr Gly Gly Ser Gly  
 115 120 125

gga acc ggc agc ggc act ggc ggg tcg acg cag tct gcc ctg act cag 432  
 Gly Thr Gly Ser Gly Thr Gly Gly Ser Thr Gln Ser Ala Leu Thr Gln

130 135 140

cct ccc tcc gcg tcc ggg tct cct gga cag tca gtc acc atc tcc tgc 480  
 Pro Pro Ser Ala Ser Gly Ser Pro Gly Gln Ser Val Thr Ile Ser Cys  
 145 150 155 160

act gga acc agc agt gac att ggt ggt tat aac tat gtc tcc tgg tac 528  
 Thr Gly Thr Ser Ser Asp Ile Gly Gly Tyr Asn Tyr Val Ser Trp Tyr  
 165 170 175

caa cag cac cca ggc aaa gcc ccc aaa ctc atg att tat gag gtc agt 576  
 Gln Gln His Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Met Ile Tyr Glu Val Ser  
 180 185 190

aat cgg ccc cca ggg gtt tct aat cgc ttc tct ggc tcc aag tct ggc 624  
 Asn Arg Pro Pro Gly Val Ser Asn Arg Phe Ser Gly Ser Lys Ser Gly  
 195 200 205

aac acg gcc tcc ctg acc atc tct ggg ctc cag gct gag gac gag gct 672

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

210 215 220

gat tat tac tgc agc tca tac tca acc acc acc acc cga gtg ata ttc 720

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

225 230 235 240

ggc gga ggg acc aag ctg acc gtc cta 747

Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

245

<210> 385

<211> 249

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220><223> SC06-409

<400> 385

Glu Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Glu

1 5 10 15

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

20 25 30

Trp Ile Gly Trp Val Arg Gln Met Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

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

50 55 60

Gln Gly Gln Val Thr Ile Ser Ala Asp Lys Ser Ile Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Trp Ser Ser Leu Lys Ala Ser Asp Thr Ala Met Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg His Thr Gln Asn Lys Asn Gly Met Asn Thr Phe Asp Ile Trp

100 105 110

Gly Gln Gly Thr Met Val Thr Val Ser Ser Gly Thr Gly Gly Ser Gly

115 120 125

Gly Thr Gly Ser Gly Thr Gly Gly Ser Thr Gln Ser Ala Leu Thr Gln  
 130 135 140  
 Pro Pro Ser Ala Ser Gly Ser Pro Gly Gln Ser Val Thr Ile Ser Cys  
 145 150 155 160  
 Thr Gly Thr Ser Ser Asp Ile Gly Gly Tyr Asn Tyr Val Ser Trp Tyr  
 165 170 175

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

Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu  
 245

<210> 386

<211> 726

<212> DNA

<213> Artificial sequence

<220><223> SC06-415

<220><221> CDS

<222> (1)..(726)

<223>

<400> 386

gag gtg cag ctg gtg gag tct ggg gga ggc ttg gta cag cct ggc agg 48

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg

1 5 10 15

tcc ctg aga ctc tcc tgt gca gcc tct gga ttc acc ttt gat gat tat 96

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asp Asp Tyr

20 25 30

gcc atg cac tgg gtc cgg caa gct cca ggg aag ggc ctg gag tgg gtc 144

Ala Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
 35 40 45  
 tca ggt att agt tgg aat agt ggt agc ata ggc tat gcg gac tct gtg 192  
 Ser Gly Ile Ser Trp Asn Ser Gly Ser Ile Gly Tyr Ala Asp Ser Val  
 50 55 60  
 aag ggc cga ttc acc atc tcc aga gac aac gcc aag aac tca ctg tat 240  
 Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Leu Tyr  
 65 70 75 80  
 ctg caa atg aac agc ctg aga gcc gag gac tcg gct gtg tat tac tgt 288  
 Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Ser Ala Val Tyr Tyr Cys  
 85 90 95  
 gcg agg ggt gga cag agg ttt gac ttc tgg ggc cag gga acc ctg gtc 336  
 Ala Arg Gly Gly Gln Arg Phe Asp Phe Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val  
 100 105 110  
 acc gtc tcg agc ggt acg ggc ggt tca ggc gga acc ggc agc ggc act 384  
 Thr Val Ser Ser Gly Thr Gly Gly Ser Gly Gly Thr Gly Ser Gly Thr  
 115 120 125  
 ggc ggg tcg acg cag tct gcc ctg act cag cct ccc tcc gcg tcc ggg 432  
 Gly Gly Ser Thr Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Ser Gly  
 130 135 140  
 tct cct gga cag tca gtc acc atc tcc tgc act gga acc agc agt gac 480  
 Ser Pro Gly Gln Ser Val Thr Ile Ser Cys Thr Gly Thr Ser Ser Asp  
 145 150 155 160  
 gtt ggt ggt tat aac tat gtc tcc tgg tac caa caa ctg cca ggg aaa 528  
 Val Gly Gly Tyr Asn Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Lys  
 165 170 175  
 gcc ccc aaa cta ttg att tat gat gtc aat aat cgg ccg tct ggg gtc 576  
 Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Asp Val Asn Asn Arg Pro Ser Gly Val  
 180 185 190  
 tct aat cgc ttc tct ggc tcc aag teg gga aac acg gcc tcc ctg acc 624  
 Ser Asn Arg Phe Ser Gly Ser Lys Ser Gly Asn Thr Ala Ser Leu Thr





115 120 125  
 Gly Gly Ser Thr Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Ser Gly  
 130 135 140  
 Ser Pro Gly Gln Ser Val Thr Ile Ser Cys Thr Gly Thr Ser Ser Asp  
 145 150 155 160

Val Gly Gly Tyr Asn Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Lys  
 165 170 175  
 Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Asp Val Asn Asn Arg Pro Ser Gly Val  
 180 185 190  
 Ser Asn Arg Phe Ser Gly Ser Lys Ser Gly Asn Thr Ala Ser Leu Thr  
 195 200 205  
 Ile Ser Gly Leu Gln Ala Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Gly Ser  
 210 215 220

Ser Val Gly Ser Arg Leu Arg Ile Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr  
 225 230 235 240  
 Val Leu

<210> 388

<211> 738

<212> DNA

<213> Artificial sequence

<220><223> SC06-421

<220><221> CDS

<222> (1)..(738)

<223>

<400> 388

gag gtg cag ctg gtg gag tct gga gca gag gtg aaa aag ccc ggg gag 48  
 Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Glu  
 1 5 10 15

tct ctg aag atc tcc tgt aag ggt tct gga tac agc ttt acc agt cac 96  
 Ser Leu Lys Ile Ser Cys Lys Gly Ser Gly Tyr Ser Phe Thr Ser His  
 20 25 30

tgg atc ggc tgg gtg cgc cag atg ccc ggg aaa ggc ctg gag tgg atg 144  
 Trp Ile Gly Trp Val Arg Gln Met Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Met  
 35 40 45

ggg atc atc tat cct ggt gac tct gat acc aga tac agc ccg tcc ttc 192

Gly Ile Ile Tyr Pro Gly Asp Ser Asp Thr Arg Tyr Ser Pro Ser Phe  
 50 55 60

caa ggc cag gtc acc atc tca gtc gac aag tcc atc agc acc gcc tac 240  
 Gln Gly Gln Val Thr Ile Ser Val Asp Lys Ser Ile Ser Thr Ala Tyr  
 65 70 75 80

ctg cag tgg agc agc ctg aag gcc tgc gac acc gcc atg tat tac tgt 288  
 Leu Gln Trp Ser Ser Leu Lys Ala Ser Asp Thr Ala Met Tyr Tyr Cys  
 85 90 95

gcg aga ctc ggg agc agt cgc tgg tgc cac ttt gac tac tgg ggc cag 336  
 Ala Arg Leu Gly Ser Ser Arg Trp Ser His Phe Asp Tyr Trp Gly Gln  
 100 105 110

gga acc ctg gtc acc gtc tgc agc ggt acg ggc ggt tca ggc gga acc 384  
 Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Thr Gly Gly Ser Gly Gly Thr  
 115 120 125

ggc agc ggc act ggc ggg tgc acg cag tct gcc ctg act cag cct ccc 432  
 Gly Ser Gly Thr Gly Gly Ser Thr Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Pro  
 130 135 140

tcc gcg tcc ggg tct cct gga cag tca gtc acc atc tcc tgc act gga 480  
 Ser Ala Ser Gly Ser Pro Gly Gln Ser Val Thr Ile Ser Cys Thr Gly  
 145 150 155 160

acc agc act gac gtt ggt ggt tat aac tat gtc tcc tgg tac caa cat 528

Thr Ser Thr Asp Val Gly Gly Tyr Asn Tyr Val Ser Trp Tyr Gln His  
 165 170 175

cac cca ggc aaa gcc ccc aaa ctc gtg att tat ggg gtc agt aag cgg 576  
 His Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Val Ile Tyr Gly Val Ser Lys Arg  
 180 185 190

ccc tca agg gtc cct gat cgc ttc tct ggc tcc aag tct ggc aac acg 624

Pro Ser Arg Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Lys Ser Gly Asn Thr  
 195                      200                      205  
 gcc tcc ctg acc gtc tct ggg ctc cag gct gag gat gag gct gat tat      672  
 Ala Ser Leu Thr Val Ser Gly Leu Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr  
 210                      215                      220  
 tac tgc agc tca tat gca ggc agc aac aat ttg gtg ttc ggc gga ggg      720  
 Tyr Cys Ser Ser Tyr Ala Gly Ser Asn Asn Leu Val Phe Gly Gly Gly  
 225                      230                      235                      240  
  
 acc aag ctg acc gtc cta      738  
 Thr Lys Leu Thr Val Leu  
 245  
 <210> 389  
 <211> 246  
 <212> PRT  
 <213> Artificial sequence  
 <220><223> SC06-421  
 <400> 389  
 Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Glu  
 1                      5                      10                      15  
 Ser Leu Lys Ile Ser Cys Lys Gly Ser Gly Tyr Ser Phe Thr Ser His  
  
 20                      25                      30  
 Trp Ile Gly Trp Val Arg Gln Met Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Met  
 35                      40                      45  
 Gly Ile Ile Tyr Pro Gly Asp Ser Asp Thr Arg Tyr Ser Pro Ser Phe  
 50                      55                      60  
 Gln Gly Gln Val Thr Ile Ser Val Asp Lys Ser Ile Ser Thr Ala Tyr  
 65                      70                      75                      80  
 Leu Gln Trp Ser Ser Leu Lys Ala Ser Asp Thr Ala Met Tyr Tyr Cys  
  
 85                      90                      95  
 Ala Arg Leu Gly Ser Ser Arg Trp Ser His Phe Asp Tyr Trp Gly Gln  
 100                      105                      110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Thr Gly Gly Ser Gly Gly Thr  
 115 120 125  
 Gly Ser Gly Thr Gly Gly Ser Thr Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Pro  
 130 135 140  
 Ser Ala Ser Gly Ser Pro Gly Gln Ser Val Thr Ile Ser Cys Thr Gly  
 145 150 155 160  
 Thr Ser Thr Asp Val Gly Gly Tyr Asn Tyr Val Ser Trp Tyr Gln His  
 165 170 175  
 His Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Val Ile Tyr Gly Val Ser Lys Arg  
 180 185 190  
 Pro Ser Arg Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Lys Ser Gly Asn Thr  
 195 200 205  
 Ala Ser Leu Thr Val Ser Gly Leu Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr  
 210 215 220  
 Tyr Cys Ser Ser Tyr Ala Gly Ser Asn Asn Leu Val Phe Gly Gly Gly  
 225 230 235 240  
 Thr Lys Leu Thr Val Leu  
 245  
 <210> 390  
 <211> 747  
 <212> DNA  
 <213> Artificial sequence  
 <220><223> SC06-429  
 <220><221> CDS  
 <222> (1)..(747)  
 <223>  
 <400> 390  
 cag gtc cag ctg gta cag tct ggg gca gag gtg aaa aac ccc ggg gag 48  
 Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Asn Pro Gly Glu  
 1 5 10 15  
 tct ctg aag atc tcc tgt aag ggc tct gga tac act ttt acc agc tac 96  
 Ser Leu Lys Ile Ser Cys Lys Gly Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr

20	25	30	
tgg atc ggc tgg gtg cgc cag atg ccc ggg aaa ggc ctg gag tgg atg			144
Trp Ile Gly Trp Val Arg Gln Met Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Met			
35	40	45	
ggc agc atc tat cct ggt gac tct gat acc aga tac agc ccg tcc ttc			192
Gly Ser Ile Tyr Pro Gly Asp Ser Asp Thr Arg Tyr Ser Pro Ser Phe			
50	55	60	
caa ggc cag gtc acc atc tca gtc gac aag tcc atc agc acc gcc tac			240
Gln Gly Gln Val Thr Ile Ser Val Asp Lys Ser Ile Ser Thr Ala Tyr			
65	70	75	80
ctg cag tgg agc agc ctg aag gcc tcg gac acc gcc atg tat tac tgt			288
Leu Gln Trp Ser Ser Leu Lys Ala Ser Asp Thr Ala Met Tyr Tyr Cys			
85	90	95	
gcg aga cag tat cga gcc ggc agt acc acc agg ttc gac ccc tgg ggc			336
Ala Arg Gln Tyr Arg Ala Gly Ser Thr Thr Arg Phe Asp Pro Trp Gly			
100	105	110	
cag gga acc ctg gtc acc gtc tcg agc ggt acg ggc ggt tca ggc gga			384
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Thr Gly Gly Ser Gly Gly			
115	120	125	
acc ggc agc ggc act ggc ggg tcg acg gat gtt gtg atg act cag tct			432
Thr Gly Ser Gly Thr Gly Gly Ser Thr Asp Val Val Met Thr Gln Ser			
130	135	140	
cca ctc tcc ctg ccc gtc acc cct gga gag ccg gcc tcc atc tcc tgc			480
Pro Leu Ser Leu Pro Val Thr Pro Gly Glu Pro Ala Ser Ile Ser Cys			
145	150	155	160
agg tct agt cag agc ctc cgg cat aga aat gga aac aac tat ttg gat			528
Arg Ser Ser Gln Ser Leu Arg His Arg Asn Gly Asn Asn Tyr Leu Asp			
165	170	175	
tgg tac ctg cag aag cca ggg cag tct cca cag ctc ctg atc tat ttg			576
Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Leu			
180	185	190	

ggt tct aat cgg gcc tcc ggg gtc cct gac agg ttc agt ggc agt gga 624  
  
 Gly Ser Asn Arg Ala Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly  
           195                  200                  205  
 tca ggc aca gat ttt aca ctg aaa atc agc aga gtg gag gct gag gat 672  
 Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp  
           210                  215                  220  
 gtt gga att tat tac tgc atg caa gct cta caa act cct ctc act ttc 720  
 Val Gly Ile Tyr Tyr Cys Met Gln Ala Leu Gln Thr Pro Leu Thr Phe  
  
 225                  230                  235                  240  
 ggc gga ggg acc aag gtg gaa atc aaa 747  
 Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys  
                   245  
 <210> 391  
 <211> 249  
 <212> PRT  
 <213> Artificial sequence  
 <220><223> SC06-429  
 <400> 391  
 Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Asn Pro Gly Glu  
 1                  5                  10                  15  
  
 Ser Leu Lys Ile Ser Cys Lys Gly Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr  
           20                  25                  30  
 Trp Ile Gly Trp Val Arg Gln Met Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Met  
           35                  40                  45  
 Gly Ser Ile Tyr Pro Gly Asp Ser Asp Thr Arg Tyr Ser Pro Ser Phe  
           50                  55                  60  
 Gln Gly Gln Val Thr Ile Ser Val Asp Lys Ser Ile Ser Thr Ala Tyr  
 65                  70                  75                  80  
  
 Leu Gln Trp Ser Ser Leu Lys Ala Ser Asp Thr Ala Met Tyr Tyr Cys  
           85                  90                  95  
 Ala Arg Gln Tyr Arg Ala Gly Ser Thr Thr Arg Phe Asp Pro Trp Gly

100 105 110  
 Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Thr Gly Gly Ser Gly Gly  
 115 120 125  
 Thr Gly Ser Gly Thr Gly Gly Ser Thr Asp Val Val Met Thr Gln Ser  
 130 135 140

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

Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp  
 210 215 220  
 Val Gly Ile Tyr Tyr Cys Met Gln Ala Leu Gln Thr Pro Leu Thr Phe  
 225 230 235 240  
 Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys  
 245

<210> 392

<211> 738

<212> DNA

<213> Artificial sequence

<220><223> SC06-432

<220><221> CDS

<222> (1)..(738)

<223>

<400> 392

cag ctg cag ctg cag gag tcg ggc cca gga ctg gtg aag cct tca cag 48

Gln Leu Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Gln  
 1 5 10 15

acc ctg tcc ctc acc tgc act gtc tct ggt ggc tcc atc agc agt ggt 96



Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Ser Gly  
 20 25 30  
 ggt tac tac tgg agc tgg atc cgc cag cac cca ggg aag ggc ctg gag 144  
 Gly Tyr Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln His Pro Gly Lys Gly Leu Glu  
 35 40 45  
 tgg att ggg tac atc tat tac agt ggg agc acc tac tac aac ccg tcc 192  
 Trp Ile Gly Tyr Ile Tyr Tyr Ser Gly Ser Thr Tyr Tyr Asn Pro Ser  
 50 55 60  
 ctc aag agt cga gtt acc ata tca gta gac acg tct aag aac cag ttc 240  
 Leu Lys Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe  
 65 70 75 80  
 tcc ctg aag ctg agc tct gtg acc gcc gcg gac acg gcc gtc tat tac 288  
 Ser Leu Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr  
 85 90 95  
 tgt gcg aga gaa cgg ata ctg gat cgt atg aat gac tac tgg ggc cag 336  
 Cys Ala Arg Glu Arg Ile Leu Asp Arg Met Asn Asp Tyr Trp Gly Gln  
 100 105 110  
 gga acc ctg gtc acc gtc tcg agc ggt acg ggc ggt tca ggc gga acc 384  
 Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Thr Gly Gly Ser Gly Gly Thr  
 115 120 125  
 ggc agc ggc act ggc ggg tcg acg cag tct gtc gtg acg cag ccg ccc 432  
 Gly Ser Gly Thr Gly Gly Ser Thr Gln Ser Val Val Thr Gln Pro Pro  
 130 135 140  
 tca gtg tct ggg gcc cca ggg cag agg gtc acc atc tcc tgc act ggg 480  
 Ser Val Ser Gly Ala Pro Gly Gln Arg Val Thr Ile Ser Cys Thr Gly  
 145 150 155 160  
 agc agc tcc aac atc ggg gca ggt tat gat gta cac tgg tac cag cag 528  
 Ser Ser Ser Asn Ile Gly Ala Gly Tyr Asp Val His Trp Tyr Gln Gln  
 165 170 175  
 ctt cca gga aca gcc ccc aaa ctc ctc atc tat ggt aac agc aat cgg 576  
 Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Gly Asn Ser Asn Arg

180 185 190

ccc tca ggg gtc cct gac cga ttc tct ggc tcc aaa tct ggc acc tca 624  
 Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser  
 195 200 205

gcc tcc ctg gcc atc act ggg ctc cag gct gag gat gag gct gat tat 672  
 Ala Ser Leu Ala Ile Thr Gly Leu Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr  
 210 215 220

tac tgc cag tcc tct gac agc agc ctg aat att ttg ttc ggc gga ggg 720

Tyr Cys Gln Ser Ser Asp Ser Ser Leu Asn Ile Leu Phe Gly Gly Gly  
 225 230 235 240

acc aag ctg acc gtc cta 738  
 Thr Lys Leu Thr Val Leu  
 245

<210> 393  
 <211> 246  
 <212> PRT  
 <213> Artificial sequence  
 <220><223> SC06-432  
 <400> 393

Gln Leu Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Gln

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

65 70 75 80  
 Ser Leu Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr  
 85 90 95

Cys Ala Arg Glu Arg Ile Leu Asp Arg Met Asn Asp Tyr Trp Gly Gln  
 100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Thr Gly Gly Ser Gly Gly Thr  
 115 120 125

Gly Ser Gly Thr Gly Gly Ser Thr Gln Ser Val Val Thr Gln Pro Pro  
 130 135 140

Ser Val Ser Gly Ala Pro Gly Gln Arg Val Thr Ile Ser Cys Thr Gly  
 145 150 155 160

Ser Ser Ser Asn Ile Gly Ala Gly Tyr Asp Val His Trp Tyr Gln Gln  
 165 170 175

Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Gly Asn Ser Asn Arg  
 180 185 190

Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser  
 195 200 205

Ala Ser Leu Ala Ile Thr Gly Leu Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr  
 210 215 220

Tyr Cys Gln Ser Ser Asp Ser Ser Leu Asn Ile Leu Phe Gly Gly Gly  
 225 230 235 240

Thr Lys Leu Thr Val Leu  
 245

<210> 394

<211> 1353

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220><221> CDS

<222> (1)..(1353)

<223>

<400> 394

gag gtg cag ctg gtg gag tct ggg gga gtc gcg gtc cag cct ggg agg 48

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Val Ala Val Gln Pro Gly Arg  
 1 5 10 15

tcc ctg aga ctc tcc tgt gcg gcg tct gga ttc agt ttc aga gat tat 96

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Ser Phe Arg Asp Tyr  
 20 25 30  
 ggc atg cac tgg gtc cgc cag gct gca ggc aag ggg ctg gag tgg gtg 144  
 Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Ala Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
 35 40 45  
 gca ttt ata tgg cct cat gga gta aat agg ttt tat gca gac tca atg 192  
 Ala Phe Ile Trp Pro His Gly Val Asn Arg Phe Tyr Ala Asp Ser Met  
 50 55 60  
 gag ggc cga ttc acc atc tcc aga gac gat tcc aag aat atg ttg tat 240  
 Glu Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Met Leu Tyr  
 65 70 75 80  
 cta gaa atg aat aat ctg aga acc gaa gac acg gct cta tat tac tgt 288  
 Leu Glu Met Asn Asn Leu Arg Thr Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys  
 85 90 95  
 aca aga gat caa gac tat gtc ccg aga aag tac ttc gat ctt tgg ggc 336  
 Thr Arg Asp Gln Asp Tyr Val Pro Arg Lys Tyr Phe Asp Leu Trp Gly  
 100 105 110  
 cgt ggc acc ctg gtc acc gtc tgc agt gct agc acc aag ggc ccc agc 384  
 Arg Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser  
 115 120 125  
 gtg ttc ccc ctg gcc ccc agc agc aag agc acc agc ggc ggc aca gcc 432  
 Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala  
 130 135 140  
 gcc ctg ggc tgc ctg gtg aag gac tac ttc ccc gag ccc gtg acc gtg 480  
 Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val  
 145 150 155 160  
 agc tgg aac agc ggc gcc ttg acc agc ggc gtg cac acc ttc ccc gcc 528  
 Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala  
 165 170 175  
 gtg ctg cag agc agc ggc ctg tac agc ctg agc agc gtg gtg acc gtg 576  
 Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val

180	185	190	
ccc agc agc agc ctg ggc acc cag acc tac atc tgc aac gtg aac cac			624
Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His			
195	200	205	
aag ccc agc aac acc aag gtg gac aaa cgc gtg gag ccc aag agc tgc			672
Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Pro Lys Ser Cys			
210	215	220	
gac aag acc cac acc tgc ccc ccc tgc cct gcc ccc gag ctg ctg ggc			720
Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly			
225	230	235	240
gga ccc tcc gtg ttc ctg ttc ccc ccc aag ccc aag gac acc etc atg			768
Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met			
245	250	255	
atc agc cgg acc ccc gag gtg acc tgc gtg gtg gtg gac gtg agc cac			816
Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His			
260	265	270	
gag gac ccc gag gtg aag ttc aac tgg tac gtg gac ggc gtg gag gtg			864
Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val			
275	280	285	
cac aac gcc aag acc aag ccc cgg gag gag cag tac aac agc acc tac			912
His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr			
290	295	300	
cgg gtg gtg agc gtg ctc acc gtg ctg cac cag gac tgg ctg aac ggc			960
Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly			
305	310	315	320
aag gag tac aag tgc aag gtg agc aac aag gcc ctg cct gcc ccc atc			1008
Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile			
325	330	335	
gag aag acc atc agc aag gcc aag ggc cag ccc cgg gag ccc cag gtg			1056

Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val  
 340 345 350  
 tac acc ctg ccc ccc agc cgg gag gag atg acc aag aac cag gtg tcc 1104  
 Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser  
 355 360 365  
 ctc acc tgt ctg gtg aag ggc ttc tac ccc agc gac atc gcc gtg gag 1152  
 Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu  
 370 375 380  
 tgg gag agc aac ggc cag ccc gag aac aac tac aag acc acc ccc cct 1200  
 Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro  
 385 390 395 400  
 gtg ctg gac agc gac ggc agc ttc ttc ctg tac agc aag ctc acc gtg 1248  
 Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val  
 405 410 415  
 gac aag agc cgg tgg cag cag ggc aac gtg ttc agc tgc agc gtg atg 1296  
 Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met  
 420 425 430  
 cac gag gcc ctg cac aac cac tac acc cag aag agc ctg agc ctg agc 1344  
 His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser  
 435 440 445  
 ccc ggc aag 1353

Pro Gly Lys

450

<210> 395

<211> 451

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 395

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

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Ser Phe Arg Asp Tyr

20 25 30

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







agc tgg aac agc ggc gcc ttg acc agc ggc gtg cac acc ttc ccc gcc 528

Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala  
 165 170 175

gtg ctg cag agc agc ggc ctg tac agc ctg agc agc gtg gtg acc gtg 576

Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val  
 180 185 190

ccc agc agc agc ctg ggc acc cag acc tac atc tgc aac gtg aac cac 624

Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His  
 195 200 205

aag ccc agc aac acc aag gtg gac aaa cgc gtg gag ccc aag agc tgc 672

Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Pro Lys Ser Cys  
 210 215 220

gac aag acc cac acc tgc ccc ccc tgc cct gcc ccc gag ctg ctg ggc 720

Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly  
 225 230 235 240

gga ccc tcc gtg ttc ctg ttc ccc ccc aag ccc aag gac acc ctc atg 768

Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met  
 245 250 255

atc agc cgg acc ccc gag gtg acc tgc gtg gtg gtg gac gtg agc cac 816

Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His  
 260 265 270

gag gac ccc gag gtg aag ttc aac tgg tac gtg gac ggc gtg gag gtg 864

Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val  
 275 280 285

cac aac gcc aag acc aag ccc cgg gag gag cag tac aac agc acc tac 912

His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr  
 290 295 300

cgg gtg gtg agc gtg ctc acc gtg ctg cac cag gac tgg ctg aac ggc 960

Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly



<213> Homo sapiens

<400> 397

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

Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met

245 250 255

Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His

260 265 270

Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val

275 280 285

His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr

290 295 300

Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly

305 310 315 320

Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile

325 330 335

Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val

340 345 350

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

355 360 365

Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu

370 375 380

Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro

385 390 395 400

Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val

405 410 415

Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met

420 425 430

His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser

435 440 445

Pro Gly Lys

450

<210> 398

<211> 1341

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220><221> CDS

<222> (1)..(1341)

<223>

<400> 398

gag gtg cag ctg gtg gag tct ggg gga ggc ttg gtc aag cct gga ggg 48

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly

1 5 10 15

tcc ctg gga ctc tcc tgt gca gcc tct gga ttc ttc ttc agt gac tac 96

Ser Leu Gly Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Phe Phe Ser Asp Tyr

20 25 30

tcc atg agt tgg atc cgc cag gct cca ggg aag ggg ctg gaa tgg ctt 144

Ser Met Ser Trp Ile Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Leu

35 40 45

tca aac att agt ggt agt ggt cac tcc aca aag tac gca gag tct atg 192

Ser Asn Ile Ser Gly Ser Gly His Ser Thr Lys Tyr Ala Glu Ser Met

50 55 60

agg ggc cga atc acc atc tcc aga gac aac gcc aag aag tcg ctg tct 240

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

65 70 75 80

ctg caa ctg aac agc ctg aga gcc gag gac acg gct gtt tat ttc tgt 288

Leu Gln Leu Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys

85 90 95

gtg cga ggg ggt ggt tat cga atg gac gtc tgg ggc caa ggg acc acg 336

Val Arg Gly Gly Gly Tyr Arg Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr

100 105 110

gtc acc gtc tcg agt gct agc acc aag ggc ccc agc gtg ttc ccc ctg 384

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

115 120 125

gcc ccc agc agc aag agc acc agc ggc ggc aca gcc gcc ctg ggc tgc 432

Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys

130                      135                      140  
 ctg gtg aag gac tac ttc ccc gag ccc gtg acc gtg agc tgg aac agc      480  
 Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser  
 145                      150                      155                      160  
 ggc gcc ttg acc agc ggc gtg cac acc ttc ccc gcc gtg ctg cag agc      528  
 Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser  
  
                          165                      170                      175  
 agc ggc ctg tac agc ctg agc agc gtg gtg acc gtg ccc agc agc agc      576  
 Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser  
                          180                      185                      190  
 ctg ggc acc cag acc tac atc tgc aac gtg aac cac aag ccc agc aac      624  
 Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn  
                          195                      200                      205  
  
 acc aag gtg gac aaa cgc gtg gag ccc aag agc tgc gac aag acc cac      672  
 Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His  
                          210                      215                      220  
 acc tgc ccc ccc tgc cct gcc ccc gag ctg ctg ggc gga ccc tcc gtg      720  
 Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val  
 225                      230                      235                      240  
 ttc ctg ttc ccc ccc aag ccc aag gac acc ctc atg atc agc cgg acc      768  
  
 Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr  
                          245                      250                      255  
 ccc gag gtg acc tgc gtg gtg gtg gac gtg agc cac gag gac ccc gag      816  
 Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu  
                          260                      265                      270  
 gtg aag ttc aac tgg tac gtg gac ggc gtg gag gtg cac aac gcc aag      864  
 Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys  
  
                          275                      280                      285  
 acc aag ccc cgg gag gag cag tac aac agc acc tac cgg gtg gtg agc      912  
 Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser  
                          290                      295                      300

gtg ctc acc gtg ctg cac cag gac tgg ctg aac ggc aag gag tac aag 960  
 Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys  
 305 310 315 320

tgc aag gtg agc aac aag gcc ctg cct gcc ccc atc gag aag acc atc 1008  
 Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile  
 325 330 335

agc aag gcc aag ggc cag ccc cgg gag ccc cag gtg tac acc ctg ccc 1056  
 Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro  
 340 345 350

ccc agc cgg gag gag atg acc aag aac cag gtg tcc ctc acc tgt ctg 1104

Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu  
 355 360 365

gtg aag ggc ttc tac ccc agc gac atc gcc gtg gag tgg gag agc aac 1152  
 Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn  
 370 375 380

ggc cag ccc gag aac aac tac aag acc acc ccc cct gtg ctg gac agc 1200  
 Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser  
 385 390 395 400

gac ggc agc ttc ttc ctg tac agc aag ctc acc gtg gac aag agc cgg 1248  
 Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg  
 405 410 415

tgg cag cag ggc aac gtg ttc agc tgc agc gtg atg cac gag gcc ctg 1296  
 Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu  
 420 425 430

cac aac cac tac acc cag aag agc ctg agc ctg agc ccc ggc aag 1341  
 His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys  
 435 440 445

<210> 399  
 <211> 447  
 <212> PRT  
 <213> Homo sapiens



<400> 399

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



<223>

<400> 400

gag gtg cag ctg gtg gag tct gga cct gag gtg aag aag cct ggg gcc 48  
 Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Pro Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15  
 tca gtg aag gtc tcc tgc gag gct tct ggt tac aac ctg gac aat tat 96  
 Ser Val Lys Val Ser Cys Glu Ala Ser Gly Tyr Asn Leu Asp Asn Tyr

20 25 30  
 ggt atc acc tgg gtg cga cag gcc cct gga caa ggg ctt gag tgg ctg 144  
 Gly Ile Thr Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Leu  
 35 40 45

gga tgg atc agc gcc tac aat gct aag aca gag tat gga cag agg ctc 192  
 Gly Trp Ile Ser Ala Tyr Asn Ala Lys Thr Glu Tyr Gly Gln Arg Leu  
 50 55 60

cag ggc aga gtc acc atg acc aca gac act gcc acg agc aca gcc tac 240  
 Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Thr Asp Thr Ala Thr Ser Thr Ala Tyr  
 65 70 75 80  
 ctg gaa ctg agg agc cta aga tct gac gac acg gcc gtc tat tat tgt 288

Leu Glu Leu Arg Ser Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys  
 85 90 95

gcg aga gtt ctc ggg tat aga ggg ggc tgg tac gac gag ggt gat gct 336  
 Ala Arg Val Leu Gly Tyr Arg Gly Gly Trp Tyr Asp Glu Gly Asp Ala  
 100 105 110

ttt gat gtc tgg ggc caa ggg aca atg gtc acc gtc tcg agt gct agc 384  
 Phe Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Met Val Thr Val Ser Ser Ala Ser

115 120 125  
 acc aag ggc ccc agc gtg ttc ccc ctg gcc ccc agc agc aag agc acc 432  
 Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr

130 135 140  
 agc ggc ggc aca gcc gcc ctg ggc tgc ctg gtg aag gac tac ttc ccc 480  
 Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro

145	150	155	160	
gag ccc gtg acc gtg agc tgg aac agc ggc gcc ttg acc agc ggc gtg				528
Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val				
	165	170	175	
cac acc ttc ccc gcc gtg ctg cag agc agc ggc ctg tac agc ctg agc				576
His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser				
	180	185	190	
agc gtg gtg acc gtg ccc agc agc agc ctg ggc acc cag acc tac atc				624
Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile				
	195	200	205	
tgc aac gtg aac cac aag ccc agc aac acc aag gtg gac aaa cgc gtg				672
Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val				
	210	215	220	
gag ccc aag agc tgc gac aag acc cac acc tgc ccc ccc tgc cct gcc				720
Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala				
225	230	235	240	
ccc gag ctg ctg ggc gga ccc tcc gtg ttc ctg ttc ccc ccc aag ccc				768
Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro				
	245	250	255	
aag gac acc ctc atg atc agc cgg acc ccc gag gtg acc tgc gtg gtg				816
Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val				
	260	265	270	
gtg gac gtg agc cac gag gac ccc gag gtg aag ttc aac tgg tac gtg				864
Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val				
	275	280	285	
gac ggc gtg gag gtg cac aac gcc aag acc aag ccc cgg gag gag cag				912
Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln				
	290	295	300	
tac aac agc acc tac cgg gtg gtg agc gtg ctc acc gtg ctg cac cag				960

Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln  
 305 310 315 320  
 gac tgg ctg aac ggc aag gag tac aag tgc aag gtg agc aac aag gcc 1008  
 Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala  
 325 330 335  
 ctg cct gcc ccc atc gag aag acc atc agc aag gcc aag ggc cag ccc 1056  
 Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro  
 340 345 350  
 cgg gag ccc cag gtg tac acc ctg ccc ccc agc cgg gag gag atg acc 1104  
 Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr  
 355 360 365  
 aag aac cag gtg tcc ctc acc tgt ctg gtg aag ggc ttc tac ccc agc 1152  
 Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser  
 370 375 380  
 gac atc gcc gtg gag tgg gag agc aac ggc cag ccc gag aac aac tac 1200  
 Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr  
 385 390 395 400  
 aag acc acc ccc cct gtg ctg gac agc gac ggc agc ttc ttc ctg tac 1248  
 Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr  
 405 410 415  
 agc aag ctc acc gtg gac aag agc cgg tgg cag cag ggc aac gtg ttc 1296  
 Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe  
 420 425 430  
 agc tgc agc gtg atg cac gag gcc ctg cac aac cac tac acc cag aag 1344  
 Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys  
 435 440 445  
 agc ctg agc ctg agc ccc ggc aag 1368  
 Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys  
 450 455  
 <210> 401  
 <211> 456

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 401

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



<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220><221> CDS

<222> (1)..(1347)

<223>

<400> 402

cag gtg cag ctg gtg cag tct ggg gct gag gtg aag aag cct ggg tcc 48

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ser

1 5 10 15

tcg gtg aag gtc tcc tgc aag gct tct gga ggc acc ttc agc agc tat 96

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Gly Thr Phe Ser Ser Tyr

20 25 30

gct atc agc tgg gtg cga cag gcc cct gga caa ggg ctt gag tgg atg 144

Ala Ile Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

gga ggg atc atc cct atc ttt ggt aca gca aac tac gca cag aag ttc 192

Gly Gly Ile Ile Pro Ile Phe Gly Thr Ala Asn Tyr Ala Gln Lys Phe

50 55 60

cag ggc aga gtc acg att acc gcg gac gaa tcc acg agc aca gcc tac 240

Gln Gly Arg Val Thr Ile Thr Ala Asp Glu Ser Thr Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

atg gag ctg agc agc ctg aga tct gag gac acg gcc gtg tat tac tgt 288

Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

gcg aga gag ggt ggt gtg ggc cca gct ttt gat atc tgg ggc caa ggg 336

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

100 105 110

aca atg gtc acc gtc tcg agt gct agc acc aag ggc ccc agc gtg ttc 384

Thr Met Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe

115 120 125

ccc ctg gcc ccc agc agc aag agc acc agc ggc ggc aca gcc gcc ctg 432



Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu  
 130 135 140  
 ggc tgc ctg gtg aag gac tac ttc ccc gag ccc gtg acc gtg agc tgg 480  
 Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp  
 145 150 155 160  
 aac agc ggc gcc ttg acc agc ggc gtg cac acc ttc ccc gcc gtg ctg 528

Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu  
 165 170 175  
 cag agc agc ggc ctg tac agc ctg agc agc gtg gtg acc gtg ccc agc 576  
 Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser  
 180 185 190  
 agc agc ctg ggc acc cag acc tac atc tgc aac gtg aac cac aag ccc 624  
 Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro  
 195 200 205  
 agc aac acc aag gtg gac aaa cgc gtg gag ccc aag agc tgc gac aag 672  
 Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys  
 210 215 220  
 acc cac acc tgc ccc ccc tgc cct gcc ccc gag ctg ctg ggc gga ccc 720  
 Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro  
 225 230 235 240  
 tcc gtg ttc ctg ttc ccc ccc aag ccc aag gac acc ctc atg atc agc 768  
 Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser  
 245 250 255  
 cgg acc ccc gag gtg acc tgc gtg gtg gtg gac gtg agc cac gag gac 816  
 Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp  
 260 265 270  
 ccc gag gtg aag ttc aac tgg tac gtg gac ggc gtg gag gtg cac aac 864

Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn  
 275 280 285  
 gcc aag acc aag ccc cgg gag gag cag tac aac agc acc tac cgg gtg 912  
 Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val



<210> 403

<211> 449

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 403

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ser

1                    5                    10                    15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Gly Thr Phe Ser Ser Tyr

                  20                    25                    30

Ala Ile Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

                  35                    40                    45

Gly Gly Ile Ile Pro Ile Phe Gly Thr Ala Asn Tyr Ala Gln Lys Phe

                  50                    55                    60

Gln Gly Arg Val Thr Ile Thr Ala Asp Glu Ser Thr Ser Thr Ala Tyr

65                    70                    75                    80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

                  85                    90                    95

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

                  100                    105                    110

Thr Met Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe

                  115                    120                    125

Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu

                  130                    135                    140

Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp

145                    150                    155                    160

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

                  165                    170                    175

Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser

                  180                    185                    190

Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro



Lys

<210> 404

<211> 1338

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220><221> CDS

<222> (1)..(1338)

<223>

<400> 404

gag gtg cag ctg gtg gag tct ggg gga ggc ttg gta cag cct ggg ggg 48

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly

1 5 10 15

tcc ctg aga ctc tcc tgt gca gcc tct gga ttc acc ttt agc agc tat 96

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr

20 25 30

gcc atg agc tgg gtc cgc cag gct cca ggg aag ggg ctg gag tgg gtc 144

Ala Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

tca gct att agt ggt act ggt ggt agc gca tac tac gca gac tcc gtg 192

Ser Ala Ile Ser Gly Thr Gly Gly Ser Ala Tyr Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60

aag ggc cgg ttc acc atc tcc aga gac aat tcc aag aac acg gtg tat 240

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Val Tyr

65 70 75 80

ctg cag atg aac agc ctg aga gcc gag gac acg gcc gta tat tac tgt 288

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

gcg aaa gga cat agt agt ggg acc aac tgg ggc cag gga acc ctg gtc 336

Ala Lys Gly His Ser Ser Gly Thr Asn Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val

100 105 110

acc gtc tcg agt gct agc acc aag ggc ccc agc gtg ttc ccc ctg gcc 384

Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala  
 115 120 125  
 ccc agc agc aag agc acc agc ggc ggc aca gcc gcc ctg ggc tgc ctg 432  
 Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu  
 130 135 140  
 gtg aag gac tac ttc ccc gag ccc gtg acc gtg agc tgg aac agc ggc 480  
 Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly  
 145 150 155 160  
 gcc ttg acc agc ggc gtg cac acc ttc ccc gcc gtg ctg cag agc agc 528  
 Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser  
 165 170 175  
 ggc ctg tac agc ctg agc agc gtg gtg acc gtg ccc agc agc agc ctg 576  
 Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu  
 180 185 190  
 ggc acc cag acc tac atc tgc aac gtg aac cac aag ccc agc aac acc 624  
 Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr  
 195 200 205  
 aag gtg gac aaa cgc gtg gag ccc aag agc tgc gac aag acc cac acc 672  
 Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr  
 210 215 220  
 tgc ccc ccc tgc cct gcc ccc gag ctg ctg ggc gga ccc tcc gtg ttc 720  
 Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe  
 225 230 235 240  
 ctg ttc ccc ccc aag ccc aag gac acc ctc atg atc agc cgg acc ccc 768  
 Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro  
 245 250 255  
 gag gtg acc tgc gtg gtg gtg gac gtg agc cac gag gac ccc gag gtg 816  
 Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val  
 260 265 270  
 aag ttc aac tgg tac gtg gac ggc gtg gag gtg cac aac gcc aag acc 864  
 Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr

275	280	285	
aag ccc cgg gag gag cag tac aac agc acc tac cgg gtg gtg agc gtg			912
Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val			
290	295	300	
ctc acc gtg ctg cac cag gac tgg ctg aac ggc aag gag tac aag tgc			960
Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys			
305	310	315	320
aag gtg agc aac aag gcc ctg cct gcc ccc atc gag aag acc atc agc			1008
Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser			
325	330	335	
aag gcc aag ggc cag ccc cgg gag ccc cag gtg tac acc ctg ccc ccc			1056
Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro			
340	345	350	
agc cgg gag gag atg acc aag aac cag gtg tcc ctc acc tgt ctg gtg			1104
Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val			
355	360	365	
aag ggc ttc tac ccc agc gac atc gcc gtg gag tgg gag agc aac ggc			1152
Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly			
370	375	380	
cag ccc gag aac aac tac aag acc acc ccc cct gtg ctg gac agc gac			1200
Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp			
385	390	395	400
ggc agc ttc ttc ctg tac agc aag ctc acc gtg gac aag agc cgg tgg			1248
Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp			
405	410	415	
cag cag ggc aac gtg ttc agc tgc agc gtg atg cac gag gcc ctg cac			1296
Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His			
420	425	430	
aac cac tac acc cag aag agc ctg agc ctg agc ccc ggc aag			1338

Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys  
 435 440 445  
 <210> 405  
 <211> 446  
 <212> PRT  
 <213> Homo sapiens  
 <400> 405  
 Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly  
 1 5 10 15  
 Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr  
 20 25 30  
 Ala Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
 35 40 45  
 Ser Ala Ile Ser Gly Thr Gly Gly Ser Ala Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
 50 55 60  
 Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Val Tyr  
 65 70 75 80  
 Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys  
 85 90 95  
 Ala Lys Gly His Ser Ser Gly Thr Asn Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val  
 100 105 110  
 Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala  
 115 120 125  
 Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu  
 130 135 140  
 Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly  
 145 150 155 160  
 Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser  
 165 170 175  
 Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu  
 180 185 190  
 Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr





<210> 406

<211> 1350

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220><221> CDS

<222> (1)..(1350)

<223>

<400> 406

gag gtg cag ctg gtg gag tct ggg gct gag gtg aag aag cct ggg tcc 48

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ser

1 5 10 15

tcg gtg aag gtc tcc tgc aag gct tct gga ggc acc ttc agc agc tat 96

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Gly Thr Phe Ser Ser Tyr

20 25 30

gct atc agc tgg gtg cga cag gcc cct gga caa ggg ctt gag tgg atg 144

Ala Ile Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

gga ggg atc atc cct atc ttt ggt aca gca aac tac gca cag aag ttc 192

Gly Gly Ile Ile Pro Ile Phe Gly Thr Ala Asn Tyr Ala Gln Lys Phe

50 55 60

cag ggc aga gtc acg att acc gcg gac gaa tcc acg agc aca gcc tac 240

Gln Gly Arg Val Thr Ile Thr Ala Asp Glu Ser Thr Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

atg gag ctg agc agc ctg aga tct gag gac acg gcc gtg tat tac tgt 288

Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

gcg aga ggg tac gca gcc acc gac tac ggt atg gac gtc tgg ggc caa 336

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

100 105 110

ggg acc acg gtc acc gtc tcg agt gct agc acc aag ggc ccc agc gtg 384

Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val

115	120	125	
ttc ccc ctg gcc ccc agc agc aag agc acc agc ggc ggc aca gcc gcc Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala			432
130	135	140	
ctg ggc tgc ctg gtg aag gac tac ttc ccc gag ccc gtg acc gtg agc Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser			480
145	150	155	160
tgg aac agc ggc gcc ttg acc agc ggc gtg cac acc ttc ccc gcc gtg Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val			528
165	170	175	
ctg cag agc agc ggc ctg tac agc ctg agc agc gtg gtg acc gtg ccc Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro			576
180	185	190	
agc agc agc ctg ggc acc cag acc tac atc tgc aac gtg aac cac aag Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys			624
195	200	205	
ccc agc aac acc aag gtg gac aaa cgc gtg gag ccc aag agc tgc gac Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp			672
210	215	220	
aag acc cac acc tgc ccc ccc tgc cct gcc ccc gag ctg ctg ggc gga Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly			720
225	230	235	240
ccc tcc gtg ttc ctg ttc ccc ccc aag ccc aag gac acc ctc atg atc Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile			768
245	250	255	
agc cgg acc ccc gag gtg acc tgc gtg gtg gtg gac gtg agc cac gag Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu			816
260	265	270	
gac ccc gag gtg aag ttc aac tgg tac gtg gac ggc gtg gag gtg cac Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val			864

Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His  
 275 280 285  
 aac gcc aag acc aag ccc cgg gag gag cag tac aac agc acc tac cgg 912  
 Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg  
 290 295 300  
 gtg gtg agc gtg ctc acc gtg ctg cac cag gac tgg ctg aac ggc aag 960  
 Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys  
  
 305 310 315 320  
 gag tac aag tgc aag gtg agc aac aag gcc ctg cct gcc ccc atc gag 1008  
 Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu  
 325 330 335  
 aag acc atc agc aag gcc aag ggc cag ccc cgg gag ccc cag gtg tac 1056  
 Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr  
 340 345 350  
  
 acc ctg ccc ccc agc cgg gag gag atg acc aag aac cag gtg tcc ctc 1104  
 Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu  
 355 360 365  
 acc tgt ctg gtg aag ggc ttc tac ccc agc gac atc gcc gtg gag tgg 1152  
 Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp  
 370 375 380  
 gag agc aac ggc cag ccc gag aac aac tac aag acc acc ccc cct gtg 1200  
  
 Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val  
 385 390 395 400  
 ctg gac agc gac ggc agc ttc ttc ctg tac agc aag ctc acc gtg gac 1248  
 Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp  
 405 410 415  
 aag agc cgg tgg cag cag ggc aac gtg ttc agc tgc agc gtg atg cac 1296  
 Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His  
  
 420 425 430  
 gag gcc ctg cac aac cac tac acc cag aag agc ctg agc ctg agc ccc 1344  
 Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro



Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro  
 180 185 190  
 Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys  
 195 200 205  
 Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp  
 210 215 220  
 Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly  
 225 230 235 240  
 Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile  
 245 250 255  
 Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu  
 260 265 270  
 Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His  
 275 280 285  
 Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg  
 290 295 300  
 Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys  
 305 310 315 320  
 Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu  
 325 330 335  
 Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr  
 340 345 350  
 Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu  
 355 360 365  
 Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp  
 370 375 380  
 Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val  
 385 390 395 400  
 Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp  
 405 410 415  
 Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His



tat tgt gtt agg cga gag tat gac act ggc tgg ctt gac tac tgg ggc 336

Tyr Cys Val Arg Arg Glu Tyr Asp Thr Gly Trp Leu Asp Tyr Trp Gly  
 100 105 110

cag gga acc ctg gtc acc gtc tcg agt gct agc acc aag ggc ccc agc 384  
 Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser  
 115 120 125

gtg ttc ccc ctg gcc ccc agc agc aag agc acc agc ggc ggc aca gcc 432  
 Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala  
 130 135 140

gcc ctg ggc tgc ctg gtg aag gac tac ttc ccc gag ccc gtg acc gtg 480  
 Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val  
 145 150 155 160

agc tgg aac agc ggc gcc ttg acc agc ggc gtg cac acc ttc ccc gcc 528  
 Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala  
 165 170 175

gtg ctg cag agc agc ggc ctg tac agc ctg agc agc gtg gtg acc gtg 576  
 Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val  
 180 185 190

ccc agc agc agc ctg ggc acc cag acc tac atc tgc aac gtg aac cac 624  
 Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His  
 195 200 205

aag ccc agc aac acc aag gtg gac aaa cgc gtg gag ccc aag agc tgc 672

Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Pro Lys Ser Cys  
 210 215 220

gac aag acc cac acc tgc ccc ccc tgc cct gcc ccc gag ctg ctg ggc 720  
 Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly  
 225 230 235 240

gga ccc tcc gtg ttc ctg ttc ccc ccc aag ccc aag gac acc ctc atg 768  
 Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met



245	250	255	
atc agc cgg acc ccc gag gtg acc tgc gtg gtg gtg gac gtg agc cac			816
Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His			
260	265	270	
gag gac ccc gag gtg aag ttc aac tgg tac gtg gac ggc gtg gag gtg			864
Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val			
275	280	285	
cac aac gcc aag acc aag ccc cgg gag gag cag tac aac agc acc tac			912
His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr			
290	295	300	
cgg gtg gtg agc gtg ctc acc gtg ctg cac cag gac tgg ctg aac ggc			960
Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly			
305	310	315	320
aag gag tac aag tgc aag gtg agc aac aag gcc ctg cct gcc ccc atc			1008
Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile			
325	330	335	
gag aag acc atc agc aag gcc aag ggc cag ccc cgg gag ccc cag gtg			1056
Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val			
340	345	350	
tac acc ctg ccc ccc agc cgg gag gag atg acc aag aac cag gtg tcc			1104
Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser			
355	360	365	
ctc acc tgt ctg gtg aag ggc ttc tac ccc agc gac atc gcc gtg gag			1152
Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu			
370	375	380	
tgg gag agc aac ggc cag ccc gag aac aac tac aag acc acc ccc cct			1200
Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro			
385	390	395	400
gtg ctg gac agc gac ggc agc ttc ttc ctg tac agc aag ctc acc gtg			1248
Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val			
405	410	415	

gac aag agc cgg tgg cag cag ggc aac gtg ttc agc tgc agc gtg atg 1296  
 Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met  
 420 425 430

cac gag gcc ctg cac aac cac tac acc cag aag agc ctg agc ctg agc 1344

His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser  
 435 440 445

ccc ggc aag 1353  
 Pro Gly Lys  
 450

<210> 409  
 <211> 451  
 <212> PRT  
 <213> Homo sapiens  
 <400> 409

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg

1 5 10 15  
 Ser Leu Arg Leu Ser Cys Thr Gly Ser Gly Phe Thr Phe Gly Asp Tyr  
 20 25 30

Ala Met Ser Trp Phe Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
 35 40 45

Gly Phe Ile Arg Asn Lys Ala Tyr Gly Gly Thr Ala Glu Tyr Ala Ala  
 50 55 60

Ser Val Lys Asp Arg Phe Ile Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Ser Ile

65 70 75 80  
 Ala Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr  
 85 90 95

Tyr Cys Val Arg Arg Glu Tyr Asp Thr Gly Trp Leu Asp Tyr Trp Gly  
 100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser  
 115 120 125

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

130                      135                      140  
 Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val  
 145                      150                      155                      160  
 Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala  
                                  165                      170                      175  
 Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val  
                                  180                      185                      190  
 Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His  
  
                                  195                      200                      205  
 Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Pro Lys Ser Cys  
                                  210                      215                      220  
 Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly  
 225                      230                      235                      240  
 Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met  
                                  245                      250                      255  
 Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His  
  
                                  260                      265                      270  
 Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val  
                                  275                      280                      285  
 His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr  
                                  290                      295                      300  
 Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly  
 305                      310                      315                      320  
 Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile  
  
                                  325                      330                      335  
 Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val  
                                  340                      345                      350  
 Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser  
                                  355                      360                      365  
 Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu  
                                  370                      375                      380

Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro

385 390 395 400

Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val

405 410 415

Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met

420 425 430

His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser

435 440 445

Pro Gly Lys

450

<210> 410

<211> 1350

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220><221> CDS

<222> (1)..(1350)

<223>

<400> 410

gag gtg cag ctg gtg gag tct ggg gga ggc gtg gtc cag cct ggg agg 48

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg

1 5 10 15

tcc ctg aga ctc tcc tgt gta gcg tct gaa ttc acc ttc agt aat tac 96

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Val Ala Ser Glu Phe Thr Phe Ser Asn Tyr

20 25 30

ggc atg cac tgg gtc cgc cag gct cca ggc aag ggg ctg gag tgg gtg 144

Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

gca gtt ata tgg tat gat gga agt aat gaa gac tat gca gac tcc gtg 192

Ala Val Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Glu Asp Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60

aag ggc cga ttc acc atc tcc aga gac aat tcc aag aac acg gtg tat 240

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Val Tyr  
65                                 70                                 75                                 80  
ctg cac atg aac agc ctg aga gcc gag gac acg gct gtg tat ttc tgt         288  
Leu His Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys  
                                  85                                 90                                 95  
aca aga gga cag tat agc agc act tgg ttc ctt gac tac tgg ggc cag         336  
Thr Arg Gly Gln Tyr Ser Ser Thr Trp Phe Leu Asp Tyr Trp Gly Gln  
  
                                  100                                 105                                 110  
gga acc ctg gtc acc gtc tcg agt gct agc acc aag ggc ccc agc gtg         384  
Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val  
                                  115                                 120                                 125  
ttc ccc ctg gcc ccc agc agc aag agc acc agc ggc ggc aca gcc gcc         432  
Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala  
                                  130                                 135                                 140  
  
ctg ggc tgc ctg gtg aag gac tac ttc ccc gag ccc gtg acc gtg agc         480  
Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser  
145                                 150                                 155                                 160  
tgg aac agc ggc gcc ttg acc agc ggc gtg cac acc ttc ccc gcc gtg         528  
Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val  
                                  165                                 170                                 175  
ctg cag agc agc ggc ctg tac agc ctg agc agc gtg gtg acc gtg ccc         576  
  
Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro  
                                  180                                 185                                 190  
agc agc agc ctg ggc acc cag acc tac atc tgc aac gtg aac cac aag         624  
Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys  
                                  195                                 200                                 205  
ccc agc aac acc aag gtg gac aaa cgc gtg gag ccc aag agc tgc gac         672  
Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp  
  
                                  210                                 215                                 220  
aag acc cac acc tgc ccc ccc tgc cct gcc ccc gag ctg ctg ggc gga         720  
Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly

225                    230                    235                    240  
 ccc tcc gtg ttc ctg ttc ccc ccc aag ccc aag gac acc ctc atg atc            768  
 Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile  
                          245                    250                    255  
  
 agc cgg acc ccc gag gtg acc tgc gtg gtg gtg gac gtg agc cac gag            816  
 Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu  
                          260                    265                    270  
 gac ccc gag gtg aag ttc aac tgg tac gtg gac ggc gtg gag gtg cac            864  
 Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His  
                          275                    280                    285  
 aac gcc aag acc aag ccc cgg gag gag cag tac aac agc acc tac cgg            912  
  
 Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg  
                          290                    295                    300  
 gtg gtg agc gtg ctc acc gtg ctg cac cag gac tgg ctg aac ggc aag            960  
 Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys  
 305                    310                    315                    320  
 gag tac aag tgc aag gtg agc aac aag gcc ctg cct gcc ccc atc gag            1008  
 Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu  
  
                          325                    330                    335  
 aag acc atc agc aag gcc aag ggc cag ccc cgg gag ccc cag gtg tac            1056  
 Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr  
                          340                    345                    350  
 acc ctg ccc ccc agc cgg gag gag atg acc aag aac cag gtg tcc ctc            1104  
 Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu  
                          355                    360                    365  
  
 acc tgt ctg gtg aag ggc ttc tac ccc agc gac atc gcc gtg gag tgg            1152  
 Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp  
                          370                    375                    380  
 gag agc aac ggc cag ccc gag aac aac tac aag acc acc ccc cct gtg            1200  
 Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val  
 385                    390                    395                    400

ctg gac agc gac ggc agc ttc ttc ctg tac agc aag ctc acc gtg gac 1248

Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp  
 405 410 415

aag agc cgg tgg cag cag ggc aac gtg ttc agc tgc agc gtg atg cac 1296

Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His  
 420 425 430

gag gcc ctg cac aac cac tac acc cag aag agc ctg agc ctg agc ccc 1344

Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro  
 435 440 445

ggc aag 1350

Gly Lys  
 450

<210> 411  
 <211> 450  
 <212> PRT  
 <213> Homo sapiens  
 <400> 411

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg  
 1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Val Ala Ser Glu Phe Thr Phe Ser Asn Tyr  
 20 25 30

Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
 35 40 45

Ala Val Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Glu Asp Tyr Ala Asp Ser Val  
 50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Val Tyr  
 65 70 75 80

Leu His Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys  
 85 90 95

Thr Arg Gly Gln Tyr Ser Ser Thr Trp Phe Leu Asp Tyr Trp Gly Gln  
 100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val  
 115 120 125  
 Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala  
 130 135 140  
 Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser  
 145 150 155 160  
 Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val  
 165 170 175  
 Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro  
 180 185 190  
 Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys  
 195 200 205  
 Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp  
 210 215 220  
 Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly  
 225 230 235 240  
 Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile  
 245 250 255  
 Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu  
 260 265 270  
 Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His  
 275 280 285  
 Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg  
 290 295 300  
 Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys  
 305 310 315 320  
 Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu  
 325 330 335  
 Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr  
 340 345 350  
 Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu



355                                    360                                    365  
 Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp  
 370                                    375                                    380  
 Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val  
 385                                    390                                    395                                    400  
 Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp  
  
 405                                    410                                    415  
 Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His  
 420                                    425                                    430  
 Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro  
 435                                    440                                    445  
 Gly Lys  
 450  
 <210> 412  
 <211> 1335  
 <212> DNA  
 <213> Homo sapiens  
 <220><221> CDS  
 <222> (1)..(1335)  
 <223>  
 <400> 412  
 gag gtg cag ctg gtg gag tct ggg gga ggc gtg gtc cag cct ggg agg            48  
  
 Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg  
 1                                    5                                    10                                    15  
 tcc ctg aga ctc tcc tgt gca gcg tct gga ttc acc ttc agt agc tat            96  
 Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr  
 20                                    25                                    30  
 ggc atg cac tgg gtc cgc cag gct cca ggc aag ggg ctg gag tgg gtg            144  
 Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
  
 35                                    40                                    45  
 gca gtt ata tgg tat gat gga agt aat aaa tac tat gca gac tcc gtg            192  
 Ala Val Ile Trp Tyr Asp Gly Ser Asn Lys Tyr Tyr Ala Asp Ser Val

50	55	60	
aag ggc cga ttc acc atc tcc aga gac aat tcc cag aac acg ctg tat			240
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Gln Asn Thr Leu Tyr			
65	70	75	80
ctg caa atg aac agc ctg aga gcc gag gac acg gct gtg tat tac tgc			288
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys			
	85	90	95
aca agt tat gcg ata gca gct acc ccc ggc cag gga acc ctg gtc acc			336
Thr Ser Tyr Ala Ile Ala Ala Thr Pro Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr			
	100	105	110
gtc tcg agt gct agc acc aag ggc ccc agc gtg ttc ccc ctg gcc ccc			384
Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro			
	115	120	125
agc agc aag agc acc agc ggc ggc aca gcc gcc ctg ggc tgc ctg gtg			432
Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val			
	130	135	140
aag gac tac ttc ccc gag ccc gtg acc gtg agc tgg aac agc ggc gcc			480
Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala			
145	150	155	160
ttg acc agc ggc gtg cac acc ttc ccc gcc gtg ctg cag agc agc ggc			528
Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly			
	165	170	175
ctg tac agc ctg agc agc gtg gtg acc gtg ccc agc agc agc ctg ggc			576
Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly			
	180	185	190
acc cag acc tac atc tgc aac gtg aac cac aag ccc agc aac acc aag			624
Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys			
	195	200	205
gtg gac aaa cgc gtg gag ccc aag agc tgc gac aag acc cac acc tgc			672
Val Asp Lys Arg Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys			
	210	215	220

ccc ccc tgc cct gcc ccc gag ctg ctg ggc gga ccc tcc gtg ttc ctg 720

Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu  
 225 230 235 240

ttc ccc ccc aag ccc aag gac acc ctc atg atc agc cgg acc ccc gag 768

Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu  
 245 250 255

gtg acc tgc gtg gtg gtg gac gtg agc cac gag gac ccc gag gtg aag 816

Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys  
 260 265 270

ttc aac tgg tac gtg gac ggc gtg gag gtg cac aac gcc aag acc aag 864

Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys  
 275 280 285

ccc cgg gag gag cag tac aac agc acc tac cgg gtg gtg agc gtg ctc 912

Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu  
 290 295 300

acc gtg ctg cac cag gac tgg ctg aac ggc aag gag tac aag tgc aag 960

Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys  
 305 310 315 320

gtg agc aac aag gcc ctg cct gcc ccc atc gag aag acc atc agc aag 1008

Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys  
 325 330 335

gcc aag ggc cag ccc cgg gag ccc cag gtg tac acc ctg ccc ccc agc 1056

Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser  
 340 345 350

cgg gag gag atg acc aag aac cag gtg tcc ctc acc tgt ctg gtg aag 1104

Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys  
 355 360 365

ggc ttc tac ccc agc gac atc gcc gtg gag tgg gag agc aac ggc cag 1152

Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln



Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro  
 115 120 125

Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val  
 130 135 140

Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala  
 145 150 155 160

Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly  
 165 170 175

Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly  
 180 185 190

Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys  
 195 200 205

Val Asp Lys Arg Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys  
 210 215 220

Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu  
 225 230 235 240

Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu  
 245 250 255

Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys  
 260 265 270

Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys  
 275 280 285

Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu  
 290 295 300

Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys  
 305 310 315 320

Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys  
 325 330 335

Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser  
 340 345 350

Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys



aag agt cga gtc acc ata tca gta gac acg tcc aag aac cag ttc tcc 240

Lys Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser  
 65 70 75 80

ctg aag ctg aac tct ctg acc gcc gca gac acg gcc gtg tat ttc tgt 288

Leu Lys Leu Asn Ser Leu Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys  
 85 90 95

gcg agc caa agt cct gct ttt gat ttc tgg ggc caa ggg aca atg gtc 336

Ala Ser Gln Ser Pro Ala Phe Asp Phe Trp Gly Gln Gly Thr Met Val  
 100 105 110

acc gtc tcg agt gct agc acc aag ggc ccc agc gtg ttc ccc ctg gcc 384

Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala  
 115 120 125

ccc agc agc aag agc acc agc ggc ggc aca gcc gcc ctg ggc tgc ctg 432

Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu  
 130 135 140

gtg aag gac tac ttc ccc gag ccc gtg acc gtg agc tgg aac agc ggc 480

Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly  
 145 150 155 160

gcc ttg acc agc ggc gtg cac acc ttc ccc gcc gtg ctg cag agc agc 528

Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser  
 165 170 175

ggc ctg tac agc ctg agc agc gtg gtg acc gtg ccc agc agc agc ctg 576

Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu  
 180 185 190

ggc acc cag acc tac atc tgc aac gtg aac cac aag ccc agc aac acc 624

Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr  
 195 200 205

aag gtg gac aaa cgc gtg gag ccc aag agc tgc gac aag acc cac acc 672

Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr

210	215	220	
tgc ccc ccc tgc cct gcc ccc gag ctg ctg ggc gga ccc tcc gtg ttc			720
Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe			
225	230	235	240
ctg ttc ccc ccc aag ccc aag gac acc ctc atg atc agc cgg acc ccc			768
Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro			
	245	250	255
gag gtg acc tgc gtg gtg gtg gac gtg agc cac gag gac ccc gag gtg			816
Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val			
	260	265	270
aag ttc aac tgg tac gtg gac ggc gtg gag gtg cac aac gcc aag acc			864
Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr			
	275	280	285
aag ccc cgg gag gag cag tac aac agc acc tac cgg gtg gtg agc gtg			912
Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val			
	290	295	300
ctc acc gtg ctg cac cag gac tgg ctg aac ggc aag gag tac aag tgc			960
Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys			
305	310	315	320
aag gtg agc aac aag gcc ctg cct gcc ccc atc gag aag acc atc agc			1008
Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser			
	325	330	335
aag gcc aag ggc cag ccc cgg gag ccc cag gtg tac acc ctg ccc ccc			1056
Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro			
	340	345	350
agc cgg gag gag atg acc aag aac cag gtg tcc ctc acc tgt ctg gtg			1104
Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val			
	355	360	365
aag ggc ttc tac ccc agc gac atc gcc gtg gag tgg gag agc aac ggc			1152
Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly			
	370	375	380



cag ccc gag aac aac tac aag acc acc ccc cct gtg ctg gac agc gac 1200  
 Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp  
 385 390 395 400  
 ggc agc ttc ttc ctg tac agc aag ctc acc gtg gac aag agc cgg tgg 1248  
  
 Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp  
 405 410 415  
 cag cag ggc aac gtg ttc agc tgc agc gtg atg cac gag gcc ctg cac 1296  
 Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His  
 420 425 430  
 aac cac tac acc cag aag agc ctg agc ctg agc ccc ggc aag 1338  
 Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys

435 440 445  
 <210> 415  
 <211> 446  
 <212> PRT  
 <213> Homo sapiens  
 <400> 415

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

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

Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala  
 115 120 125  
 Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu  
 130 135 140  
 Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly  
 145 150 155 160  
 Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser  
 165 170 175  
  
 Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu  
 180 185 190  
 Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr  
 195 200 205  
 Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr  
 210 215 220  
 Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe  
 225 230 235 240  
  
 Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro  
 245 250 255  
 Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val  
 260 265 270  
 Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr  
 275 280 285  
 Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val  
 290 295 300  
  
 Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys  
 305 310 315 320  
 Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser  
 325 330 335  
 Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro  
 340 345 350  
 Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val



agt cga gtc acc ata tca gca gac acg tcc aag aac cag ttc tcc ctg 240  
 Ser Arg Val Thr Ile Ser Ala Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu  
 65 70 75 80  
 aag ctg agc tct gtg acc gct gcg gac acg gcc gtg tat tac tgt gcg 288  
 Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala  
 85 90 95  
 aga gga gga cag acc gcg gga gtc tgg ggc aaa ggg acc acg gtc acc 336  
 Arg Gly Gly Gln Thr Ala Gly Val Trp Gly Lys Gly Thr Thr Val Thr  
 100 105 110  
 gtc tcg agt gct agc acc aag ggc ccc agc gtg ttc ccc ctg gcc ccc 384  
 Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro  
 115 120 125  
 agc agc aag agc acc agc ggc ggc aca gcc gcc ctg ggc tgc ctg gtg 432  
 Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val  
 130 135 140  
 aag gac tac ttc ccc gag ccc gtg acc gtg agc tgg aac agc ggc gcc 480  
 Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala  
 145 150 155 160  
 ttg acc agc ggc gtg cac acc ttc ccc gcc gtg ctg cag agc agc ggc 528  
 Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly  
 165 170 175  
 ctg tac agc ctg agc agc gtg gtg acc gtg ccc agc agc agc ctg ggc 576  
 Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly  
 180 185 190  
 acc cag acc tac atc tgc aac gtg aac cac aag ccc agc aac acc aag 624  
 Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys  
 195 200 205  
 gtg gac aaa cgc gtg gag ccc aag agc tgc gac aag acc cac acc tgc 672  
 Val Asp Lys Arg Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys  
 210 215 220  
 ccc ccc tgc cct gcc ccc gag ctg ctg ggc gga ccc tcc gtg ttc ctg 720

Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu  
 225                      230                      235                      240  
 ttc ccc ccc aag ccc aag gac acc ctc atg atc agc cgg acc ccc gag      768

Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu  
                                  245                      250                      255  
 gtg acc tgc gtg gtg gtg gac gtg agc cac gag gac ccc gag gtg aag      816  
 Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys  
                                  260                      265                      270  
 ttc aac tgg tac gtg gac ggc gtg gag gtg cac aac gcc aag acc aag      864  
 Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys  
                                  275                      280                      285  
 ccc cgg gag gag cag tac aac agc acc tac cgg gtg gtg agc gtg ctc      912  
 Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu  
                                  290                      295                      300  
 acc gtg ctg cac cag gac tgg ctg aac ggc aag gag tac aag tgc aag      960  
 Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys  
 305                      310                      315                      320  
 gtg agc aac aag gcc ctg cct gcc ccc atc gag aag acc atc agc aag      1008  
 Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys  
                                  325                      330                      335  
 gcc aag ggc cag ccc cgg gag ccc cag gtg tac acc ctg ccc ccc agc      1056  
 Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser  
                                  340                      345                      350  
 cgg gag gag atg acc aag aac cag gtg tcc ctc acc tgt ctg gtg aag      1104

Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys  
                                  355                      360                      365  
 ggc ttc tac ccc agc gac atc gcc gtg gag tgg gag agc aac ggc cag      1152  
 Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln  
                                  370                      375                      380  
 ccc gag aac aac tac aag acc acc ccc cct gtg ctg gac agc gac ggc      1200

Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly

385                      390                      395                      400

agc ttc ttc ctg tac agc aag ctc acc gtg gac aag agc cgg tgg cag      1248

Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln

                            405                      410                      415

cag ggc aac gtg ttc agc tgc agc gtg atg cac gag gcc ctg cac aac      1296

Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn

                            420                      425                      430

cac tac acc cag aag agc ctg agc ctg agc ccc ggc aag      1335

His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys

                            435                      440                      445

<210> 417

<211> 445

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 417

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu

1                      5                      10                      15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Ser Tyr

                            20                      25                      30

Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile

                            35                      40                      45

Gly Tyr Ile Tyr Tyr Thr Gly Thr Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Asn

                            50                      55                      60

Ser Arg Val Thr Ile Ser Ala Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu

65                      70                      75                      80

Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala

                            85                      90                      95

Arg Gly Gly Gln Thr Ala Gly Val Trp Gly Lys Gly Thr Thr Val Thr

                            100                      105                      110

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



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

Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn  
 420 425 430  
 His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys  
 435 440 445

<210> 418

<211> 1353

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220><221> CDS

<222> (1)..(1353)

<223>

<400> 418

gag gtg cag ctg gtg gag tct gga gga ggc ttg atc cag cct ggg ggg 48  
 Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Ile Gln Pro Gly Gly

1 5 10 15  
 tcc ctg aga ctc tcc tgt gca gcc tct ggg ttc acc gtc agt agc gac 96  
 Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Val Ser Ser Asp

20 25 30  
 ttc atg acc tgg gtc cgc cag gct cca ggg agg ggg ctg gag tgg gtc 144  
 Phe Met Thr Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Arg Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

tca ctt att tat agc ggt ggt aaa aca aac tac gca gac tcc gtg aag 192  
 Ser Leu Ile Tyr Ser Gly Gly Lys Thr Asn Tyr Ala Asp Ser Val Lys

50 55 60  
 ggc cga ttc acc atc tcc aga gac aat tcc agg aac acg ctg tat ctt 240  
 Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Arg Asn Thr Leu Tyr Leu







tgg gag agc aac ggc cag ccc gag aac aac tac aag acc acc ccc cct 1200  
 Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro  
 385 390 395 400

gtg ctg gac agc gac ggc agc ttc ttc ctg tac agc aag ctc acc gtg 1248  
 Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val  
 405 410 415

gac aag agc cgg tgg cag cag ggc aac gtg ttc agc tgc agc gtg atg 1296

Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met  
 420 425 430

cac gag gcc ctg cac aac cac tac acc cag aag agc ctg agc ctg agc 1344  
 His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser  
 435 440 445

ccc ggc aag 1353  
 Pro Gly Lys

450

<210> 419  
 <211> 451  
 <212> PRT  
 <213> Homo sapiens  
 <400> 419

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

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

Arg Ser Val Cys Ser Thr Ile Ser Cys Ser Lys Leu Asp Asp Trp Gly  
 100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser  
 115 120 125

Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala  
 130 135 140

Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val  
 145 150 155 160

Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala  
 165 170 175

Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val  
 180 185 190

Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His  
 195 200 205

Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Pro Lys Ser Cys  
 210 215 220

Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly  
 225 230 235 240

Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met  
 245 250 255

Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His  
 260 265 270

Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val  
 275 280 285

His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr  
 290 295 300

Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly  
 305 310 315 320

Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile  
 325 330 335

Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val

340 345 350  
 Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser  
 355 360 365

Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu  
 370 375 380

Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro  
 385 390 395 400

Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val  
 405 410 415

Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met  
 420 425 430

His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser  
 435 440 445

Pro Gly Lys  
 450

<210> 420

<211> 1347

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220><221> CDS

<222> (1)..(1347)

<223>

<400> 420

gag gtg cag ctg gtg gag act gga gca gag gtg aaa aag ccc ggg gag 48

Glu Val Gln Leu Val Glu Thr Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Glu  
 1 5 10 15

tct ctg agg atc tcc tgt aag ggt tct gga tac agc ttt acc agc tac 96

Ser Leu Arg Ile Ser Cys Lys Gly Ser Gly Tyr Ser Phe Thr Ser Tyr  
 20 25 30

tgg atc gcc tgg gtg cgc cag atg ccc ggg aaa ggc ctg gag tgg atg 144

Trp Ile Ala Trp Val Arg Gln Met Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Met  
 35 40 45

gga gtc atc tat cct ggt gac tct gat gcc aga tac agc ccg tcc ttc 192  
 Gly Val Ile Tyr Pro Gly Asp Ser Asp Ala Arg Tyr Ser Pro Ser Phe

50 55 60  
 caa ggc cag gtc acc atg tca gtc gac aag tcc atc agc acc gcc tac 240  
 Gln Gly Gln Val Thr Met Ser Val Asp Lys Ser Ile Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80  
 ctg cag tgg agc agc ctg aag gcc tcg gac acc gcc atg tat tac tgt 288  
 Leu Gln Trp Ser Ser Leu Lys Ala Ser Asp Thr Ala Met Tyr Tyr Cys

85 90 95  
 gcg aaa ctt cgg tct aag aac aca gga ctt gac tac tgg ggc cag gga 336  
 Ala Lys Leu Arg Ser Lys Asn Thr Gly Leu Asp Tyr Trp Gly Gln Gly

100 105 110  
 acc ctg gtc acc gtc tcg agt gct agc acc aag ggc ccc agc gtg ttc 384  
 Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe

115 120 125  
 ccc ctg gcc ccc agc agc aag agc acc agc ggc ggc aca gcc gcc ctg 432

Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu  
 130 135 140  
 ggc tgc ctg gtg aag gac tac ttc ccc gag ccc gtg acc gtg agc tgg 480  
 Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp

145 150 155 160  
 aac agc ggc gcc ttg acc agc ggc gtg cac acc ttc ccc gcc gtg ctg 528  
 Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu

165 170 175  
 cag agc agc ggc ctg tac agc ctg agc agc gtg gtg acc gtg ccc agc 576  
 Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser

180 185 190  
 agc agc ctg ggc acc cag acc tac atc tgc aac gtg aac cac aag ccc 624  
 Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro

195	200	205	
agc aac acc aag gtg gac aaa cgc gtg gag ccc aag agc tgc gac aag			672
Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys			
210	215	220	
acc cac acc tgc ccc ccc tgc cct gcc ccc gag ctg ctg ggc gga ccc			720
Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro			
225	230	235	240
tcc gtg ttc ctg ttc ccc ccc aag ccc aag gac acc ctc atg atc agc			768
Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser			
245	250	255	
cgg acc ccc gag gtg acc tgc gtg gtg gtg gac gtg agc cac gag gac			816
Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp			
260	265	270	
ccc gag gtg aag ttc aac tgg tac gtg gac ggc gtg gag gtg cac aac			864
Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn			
275	280	285	
gcc aag acc aag ccc cgg gag gag cag tac aac agc acc tac cgg gtg			912
Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val			
290	295	300	
gtg agc gtg ctc acc gtg ctg cac cag gac tgg ctg aac ggc aag gag			960
Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu			
305	310	315	320
tac aag tgc aag gtg agc aac aag gcc ctg cct gcc ccc atc gag aag			1008
Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys			
325	330	335	
acc atc agc aag gcc aag ggc cag ccc cgg gag ccc cag gtg tac acc			1056
Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr			
340	345	350	
ctg ccc ccc agc cgg gag gag atg acc aag aac cag gtg tcc ctc acc			1104

Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr  
                   355                                  360                                  365  
 tgt ctg gtg aag ggc ttc tac ccc agc gac atc gcc gtg gag tgg gag 1152  
 Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu  
           370                                  375                                  380  
 agc aac ggc cag ccc gag aac aac tac aag acc acc ccc cct gtg ctg 1200  
 Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu  
  
 385                                  390                                  395                                  400  
 gac agc gac ggc agc ttc ttc ctg tac agc aag ctc acc gtg gac aag 1248  
 Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys  
                                   405                                  410                                  415  
 agc cgg tgg cag cag ggc aac gtg ttc agc tgc agc gtg atg cac gag 1296  
 Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu  
                                   420                                  425                                  430  
  
 gcc ctg cac aac cac tac acc cag aag agc ctg agc ctg agc ccc ggc 1344  
 Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly  
                                   435                                  440                                  445  
 aag 1347  
 Lys  
  
 <210> 421  
 <211> 449  
 <212> PRT  
 <213> Homo sapiens  
  
 <400  
 > 421  
 Glu Val Gln Leu Val Glu Thr Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Glu  
 1                                  5                                  10                                  15  
 Ser Leu Arg Ile Ser Cys Lys Gly Ser Gly Tyr Ser Phe Thr Ser Tyr  
                                   20                                  25                                  30  
 Trp Ile Ala Trp Val Arg Gln Met Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Met  
                                   35                                  40                                  45  
 Gly Val Ile Tyr Pro Gly Asp Ser Asp Ala Arg Tyr Ser Pro Ser Phe





Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu  
 305 310 315 320

Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys  
 325 330 335

Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr  
 340 345 350

Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr  
 355 360 365

Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu  
 370 375 380

Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu  
 385 390 395 400

Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys  
 405 410 415

Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu  
 420 425 430

Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly  
 435 440 445

Lys

<210> 422

<211> 1353

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220><221> CDS

<222> (1)..(1353)

<223>

<400> 422

cag gtc cag ctg gta cag tct gga gca gag gtg aaa aag ccc ggg gag 48

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Glu  
 1 5 10 15

tct ctg aag atc tcc tgt aag ggt tct gga tac agc ttt agt aca tac 96

Ser Leu Lys Ile Ser Cys Lys Gly Ser Gly Tyr Ser Phe Ser Thr Tyr  
 20 25 30

tgg atc ggc tgg gtg cgc cag atg ccc ggg aaa ggc ctg gag tgg atg 144  
 Trp Ile Gly Trp Val Arg Gln Met Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Met  
 35 40 45

ggg atc att tat cct ggt gac tct gat acc agg tac agc ccg tcc ttc 192  
 Gly Ile Ile Tyr Pro Gly Asp Ser Asp Thr Arg Tyr Ser Pro Ser Phe  
 50 55 60

caa ggc cag gtc acc atc tca gcc gac aag tcc atc agc acc gcc cac 240

Gln Gly Gln Val Thr Ile Ser Ala Asp Lys Ser Ile Ser Thr Ala His  
 65 70 75 80

ctg cag tgg agc agc ctg aag gcc tgc gac acc gcc atg tat tac tgt 288  
 Leu Gln Trp Ser Ser Leu Lys Ala Ser Asp Thr Ala Met Tyr Tyr Cys  
 85 90 95

gcg agg cca gga ccc cgt gga tac aac cat ggc ttt gac tac tgg ggc 336  
 Ala Arg Pro Gly Pro Arg Gly Tyr Asn His Gly Phe Asp Tyr Trp Gly

100 105 110

cag gga acc ctg gtc acc gtc tgc agt gct agc acc aag ggc ccc agc 384  
 Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser  
 115 120 125

gtg ttc ccc ctg gcc ccc agc agc aag agc acc agc ggc ggc aca gcc 432  
 Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala  
 130 135 140

gcc ctg ggc tgc ctg gtg aag gac tac ttc ccc gag ccc gtg acc gtg 480  
 Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val  
 145 150 155 160

agc tgg aac agc ggc gcc ttg acc agc ggc gtg cac acc ttc ccc gcc 528  
 Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala  
 165 170 175

gtg ctg cag agc agc ggc ctg tac agc ctg agc agc gtg gtg acc gtg 576

Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val  
 180 185 190

ccc agc agc agc ctg ggc acc cag acc tac atc tgc aac gtg aac cac 624  
 Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His  
 195 200 205

aag ccc agc aac acc aag gtg gac aaa cgc gtg gag ccc aag agc tgc 672  
 Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Pro Lys Ser Cys  
 210 215 220

gac aag acc cac acc tgc ccc ccc tgc cct gcc ccc gag ctg ctg ggc 720  
 Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly  
 225 230 235 240

gga ccc tcc gtg ttc ctg ttc ccc ccc aag ccc aag gac acc ctc atg 768  
 Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met  
 245 250 255

atc agc cgg acc ccc gag gtg acc tgc gtg gtg gtg gac gtg agc cac 816  
 Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His  
 260 265 270

gag gac ccc gag gtg aag ttc aac tgg tac gtg gac ggc gtg gag gtg 864  
 Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val  
 275 280 285

cac aac gcc aag acc aag ccc cgg gag gag cag tac aac agc acc tac 912

His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr  
 290 295 300

cgg gtg gtg agc gtg ctc acc gtg ctg cac cag gac tgg ctg aac ggc 960  
 Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly  
 305 310 315 320

aag gag tac aag tgc aag gtg agc aac aag gcc ctg cct gcc ccc atc 1008  
 Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile



Ser Leu Lys Ile Ser Cys Lys Gly Ser Gly Tyr Ser Phe Ser Thr Tyr  
 20 25 30  
 Trp Ile Gly Trp Val Arg Gln Met Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Met  
 35 40 45  
 Gly Ile Ile Tyr Pro Gly Asp Ser Asp Thr Arg Tyr Ser Pro Ser Phe  
 50 55 60  
 Gln Gly Gln Val Thr Ile Ser Ala Asp Lys Ser Ile Ser Thr Ala His  
 65 70 75 80  
 Leu Gln Trp Ser Ser Leu Lys Ala Ser Asp Thr Ala Met Tyr Tyr Cys  
 85 90 95  
 Ala Arg Pro Gly Pro Arg Gly Tyr Asn His Gly Phe Asp Tyr Trp Gly  
 100 105 110  
 Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser  
 115 120 125  
 Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala  
 130 135 140  
 Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val  
 145 150 155 160  
 Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala  
 165 170 175  
 Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val  
 180 185 190  
 Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His  
 195 200 205  
 Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Pro Lys Ser Cys  
 210 215 220  
 Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly  
 225 230 235 240  
 Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met  
 245 250 255  
 Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His

260 265 270  
 Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val

275 280 285  
 His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr

290 295 300  
 Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly

305 310 315 320  
 Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile

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

340 345 350  
 Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser

355 360 365  
 Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu

370 375 380  
 Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro

385 390 395 400  
 Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val

405 410 415  
 Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met

420 425 430  
 His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser

435 440 445  
 Pro Gly Lys

450

<210> 424

<211> 1353

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220><221> CDS

<222> (1)..(1353)

<223>

<400> 424

cag atg cag ctg gtg cag tct gga gca gag gtg aaa aag tcc ggg gag	48
Gln Met Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Ser Gly Glu	
1                    5                    10                    15	
tct ctg aag atc tcc tgt aag ggt tct gga tac agc ttt agc acc tac	96
Ser Leu Lys Ile Ser Cys Lys Gly Ser Gly Tyr Ser Phe Ser Thr Tyr	
20                    25                    30	
tgg atc ggc tgg gtg cgc cag atg ccc ggg aaa ggc ctg gag tgg atg	144
Trp Ile Gly Trp Val Arg Gln Met Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Met	
35                    40                    45	
ggg atc atc tat cct ggt gac tct gat acc aga tac aac ccg tcc ttc	192
Gly Ile Ile Tyr Pro Gly Asp Ser Asp Thr Arg Tyr Asn Pro Ser Phe	
50                    55                    60	
caa ggc cag gtc acc atc tca gcc gac aag tcc atc agc acc gcc tac	240
Gln Gly Gln Val Thr Ile Ser Ala Asp Lys Ser Ile Ser Thr Ala Tyr	
65                    70                    75                    80	
ctg cag tgg agt agc ctg aag gcc tcg gac acc gcc atg tat tat tgt	288
Leu Gln Trp Ser Ser Leu Lys Ala Ser Asp Thr Ala Met Tyr Tyr Cys	
85                    90                    95	
gcg aga cgg tcc gct cgg ggc ggg aac tgg tac ttc gat ctc tgg ggc	336
Ala Arg Arg Ser Ala Arg Gly Gly Asn Trp Tyr Phe Asp Leu Trp Gly	
100                    105                    110	
cgt ggc acc ctg gtc acc gtc tcg agt gct agc acc aag ggc ccc agc	384
Arg Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser	
115                    120                    125	
gtg ttc ccc ctg gcc ccc agc agc aag agc acc agc ggc ggc aca gcc	432
Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala	
130                    135                    140	
gcc ctg ggc tgc ctg gtg aag gac tac ttc ccc gag ccc gtg acc gtg	480



Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val

145                    150                    155                    160

agc tgg aac agc ggc gcc ttg acc agc ggc gtg cac acc ttc ccc gcc      528

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

                         165                    170                    175

gtg ctg cag agc agc ggc ctg tac agc ctg agc agc gtg gtg acc gtg      576

Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val

                         180                    185                    190

ccc agc agc agc ctg ggc acc cag acc tac atc tgc aac gtg aac cac      624

Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His

                         195                    200                    205

aag ccc agc aac acc aag gtg gac aaa cgc gtg gag ccc aag agc tgc      672

Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Pro Lys Ser Cys

                         210                    215                    220

gac aag acc cac acc tgc ccc ccc tgc cct gcc ccc gag ctg ctg ggc      720

Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly

225                    230                    235                    240

gga ccc tcc gtg ttc ctg ttc ccc ccc aag ccc aag gac acc ctc atg      768

Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met

                         245                    250                    255

atc agc cgg acc ccc gag gtg acc tgc gtg gtg gtg gac gtg agc cac      816

Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His

                         260                    265                    270

gag gac ccc gag gtg aag ttc aac tgg tac gtg gac ggc gtg gag gtg      864

Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val

                         275                    280                    285

cac aac gcc aag acc aag ccc cgg gag gag cag tac aac agc acc tac      912

His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr

                         290                    295                    300

cgg gtg gtg agc gtg ctc acc gtg ctg cac cag gac tgg ctg aac ggc 960  
 Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly  
 305 310 315 320  
 aag gag tac aag tgc aag gtg agc aac aag gcc ctg cct gcc ccc atc 1008  
 Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile  
 325 330 335  
 gag aag acc atc agc aag gcc aag ggc cag ccc cgg gag ccc cag gtg 1056  
  
 Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val  
 340 345 350  
 tac acc ctg ccc ccc agc cgg gag gag atg acc aag aac cag gtg tcc 1104  
 Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser  
 355 360 365  
 ctc acc tgt ctg gtg aag ggc ttc tac ccc agc gac atc gcc gtg gag 1152  
 Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu  
  
 370 375 380  
 tgg gag agc aac ggc cag ccc gag aac aac tac aag acc acc ccc cct 1200  
 Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro  
 385 390 395 400  
 gtg ctg gac agc gac ggc agc ttc ttc ctg tac agc aag ctc acc gtg 1248  
 Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val  
 405 410 415  
  
 gac aag agc cgg tgg cag cag ggc aac gtg ttc agc tgc agc gtg atg 1296  
 Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met  
 420 425 430  
 cac gag gcc ctg cac aac cac tac acc cag aag agc ctg agc ctg agc 1344  
 His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser  
 435 440 445  
 ccc ggc aag 1353  
  
 Pro Gly Lys  
 450  
 <210> 425

<211> 451

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 425

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

Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly  
 225                      230                      235                      240  
 Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met  
                                  245                      250                      255  
 Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His  
                                  260                      265                      270  
 Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val  
                                  275                      280                      285  
 His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr  
 290                      295                      300  
 Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly  
 305                      310                      315                      320  
 Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile  
                                  325                      330                      335  
 Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val  
                                  340                      345                      350  
 Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser  
 355                      360                      365  
 Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu  
                                  370                      375                      380  
 Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro  
 385                      390                      395                      400  
 Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val  
                                  405                      410                      415  
 Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met  
 420                      425                      430  
 His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser  
                                  435                      440                      445  
 Pro Gly Lys  
                                  450  
 <210> 426

<211> 1371

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220><221> CDS

<222> (1)..(1371)

<223>

<400> 426

cag gtc cag ctg gtg cag tct gga gca gag gtg aaa aag ccg ggg gag 48

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Glu

1 5 10 15

tct ctg aag atc tcc tgt aag ggt tct gga tac agc ttt acc agc tac 96

Ser Leu Lys Ile Ser Cys Lys Gly Ser Gly Tyr Ser Phe Thr Ser Tyr

20 25 30

tgg atc ggc tgg gtg cgc cag atg ccc ggg aaa ggc ctg gag tgg atg 144

Trp Ile Gly Trp Val Arg Gln Met Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

ggg atc atc tat cct ggt gac tct gat acc aga tac agc ccg tcc ttc 192

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

50 55 60

caa ggc cag gtc acc atc tca gcc gac aag tcc atc agc acc gcc tac 240

Gln Gly Gln Val Thr Ile Ser Ala Asp Lys Ser Ile Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

ctg cag tgg agc agc ctg aag gcc tcg gac acc gcc atg tat tac tgt 288

Leu Gln Trp Ser Ser Leu Lys Ala Ser Asp Thr Ala Met Tyr Tyr Cys

85 90 95

gcg aga tgg ggg ggg gtt tgt agt agt acc agc tgc ccg aac cgt gat 336

Ala Arg Trp Gly Gly Val Cys Ser Ser Thr Ser Cys Pro Asn Arg Asp

100 105 110

gct ttt gat atc tgg ggc caa ggg aca atg gtc acc gtc tcg agt gct 384

Ala Phe Asp Ile Trp Gly Gln Gly Thr Met Val Thr Val Ser Ser Ala

115 120 125

agc acc aag ggc ccc agc gtg ttc ccc ctg gcc ccc agc agc aag agc 432  
 Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser  
 130 135 140  
 acc agc ggc ggc aca gcc gcc ctg ggc tgc ctg gtg aag gac tac ttc 480  
 Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe  
 145 150 155 160  
 ccc gag ccc gtg acc gtg agc tgg aac agc ggc gcc ttg acc agc ggc 528  
  
 Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly  
 165 170 175  
 gtg cac acc ttc ccc gcc gtg ctg cag agc agc ggc ctg tac agc ctg 576  
 Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu  
 180 185 190  
 agc agc gtg gtg acc gtg ccc agc agc agc ctg ggc acc cag acc tac 624  
 Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr  
  
 195 200 205  
 atc tgc aac gtg aac cac aag ccc agc aac acc aag gtg gac aaa cgc 672  
 Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg  
 210 215 220  
 gtg gag ccc aag agc tgc gac aag acc cac acc tgc ccc ccc tgc cct 720  
 Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro  
 225 230 235 240  
  
 gcc ccc gag ctg ctg ggc gga ccc tcc gtg ttc ctg ttc ccc ccc aag 768  
 Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys  
 245 250 255  
 ccc aag gac acc ctc atg atc agc cgg acc ccc gag gtg acc tgc gtg 816  
 Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val  
 260 265 270  
 gtg gtg gac gtg agc cac gag gac ccc gag gtg aag ttc aac tgg tac 864  
  
 Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr  
 275 280 285  
 gtg gac ggc gtg gag gtg cac aac gcc aag acc aag ccc cgg gag gag 912

Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu  
 290 295 300  
 cag tac aac agc acc tac cgg gtg gtg agc gtg ctc acc gtg ctg cac 960  
 Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His  
 305 310 315 320  
 cag gac tgg ctg aac ggc aag gag tac aag tgc aag gtg agc aac aag 1008  
 Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys  
 325 330 335  
 gcc ctg cct gcc ccc atc gag aag acc atc agc aag gcc aag ggc cag 1056  
 Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln  
 340 345 350  
 ccc cgg gag ccc cag gtg tac acc ctg ccc ccc agc cgg gag gag atg 1104  
 Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met  
 355 360 365  
 acc aag aac cag gtg tcc ctc acc tgt ctg gtg aag ggc ttc tac ccc 1152  
 Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro  
 370 375 380  
 agc gac atc gcc gtg gag tgg gag agc aac ggc cag ccc gag aac aac 1200  
 Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn  
 385 390 395 400  
 tac aag acc acc ccc cct gtg ctg gac agc gac ggc agc ttc ttc ctg 1248  
 Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu  
 405 410 415  
 tac agc aag ctc acc gtg gac aag agc cgg tgg cag cag ggc aac gtg 1296  
 Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val  
 420 425 430  
 ttc agc tgc agc gtg atg cac gag gcc ctg cac aac cac tac acc cag 1344  
 Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln  
 435 440 445  
 aag agc ctg agc ctg agc ccc ggc aag 1371  
 Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys

450

455

<210> 427

<211> 457

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 427

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Glu

1                    5                    10                    15

Ser Leu Lys Ile Ser Cys Lys Gly Ser Gly Tyr Ser Phe Thr Ser Tyr

20                    25                    30

Trp Ile Gly Trp Val Arg Gln Met Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Met

35                    40                    45

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

50

55

60

Gln Gly Gln Val Thr Ile Ser Ala Asp Lys Ser Ile Ser Thr Ala Tyr

65                    70                    75                    80

Leu Gln Trp Ser Ser Leu Lys Ala Ser Asp Thr Ala Met Tyr Tyr Cys

85                    90                    95

Ala Arg Trp Gly Gly Val Cys Ser Ser Thr Ser Cys Pro Asn Arg Asp

100                    105                    110

Ala Phe Asp Ile Trp Gly Gln Gly Thr Met Val Thr Val Ser Ser Ala

115

120

125

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

130                    135                    140

Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe

145                    150                    155                    160

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

165                    170                    175

Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu

180

185

190

Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr





Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys

450

455

<210> 428

<211> 1356

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220><221> CDS

<222> (1)..(1356)

<223>

<400> 428

gag gtc cag ttg gtg cag tct gga gca gag gtg aaa aag ccc ggg gag 48

Glu Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Glu

1 5 10 15

tct ctg aag atc tcc tgt aag ggt tct gga tac agc ttt acc aac tac 96

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

20

25

30

tgg atc ggc tgg gtg cgc cag atg ccc ggg aaa ggc ctg gag tgg atg 144

Trp Ile Gly Trp Val Arg Gln Met Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Met

35

40

45

ggg atc atc tat cct ggt gac tct gat acc aga tac agc ccg tcc ttc 192

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

50

55

60

caa ggc cag gtc acc atc tca gcc gac aag tcc atc agc acc gcc tac 240

Gln Gly Gln Val Thr Ile Ser Ala Asp Lys Ser Ile Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

ctg cag tgg agc agc ctg aag gcc tcg gac acc gcc atg tat tac tgt 288

Leu Gln Trp Ser Ser Leu Lys Ala Ser Asp Thr Ala Met Tyr Tyr Cys

85

90

95

gcg aga cat acg cag aac aaa aat ggg atg aat act ttt gat atc tgg 336

Ala Arg His Thr Gln Asn Lys Asn Gly Met Asn Thr Phe Asp Ile Trp

100

105

110

ggc caa ggg aca atg gtc acc gtc tcg agt gct agc acc aag ggc ccc 384

Gly Gln Gly Thr Met Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro  
 115 120 125  
 agc gtg ttc ccc ctg gcc ccc agc agc aag agc acc agc ggc ggc aca 432

Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr  
 130 135 140  
 gcc gcc ctg ggc tgc ctg gtg aag gac tac ttc ccc gag ccc gtg acc 480

Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr  
 145 150 155 160  
 gtg agc tgg aac agc ggc gcc ttg acc agc ggc gtg cac acc ttc ccc 528

Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro  
 165 170 175  
 gcc gtg ctg cag agc agc ggc ctg tac agc ctg agc agc gtg gtg acc 576

Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr  
 180 185 190  
 gtg ccc agc agc agc ctg ggc acc cag acc tac atc tgc aac gtg aac 624

Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn  
 195 200 205  
 cac aag ccc agc aac acc aag gtg gac aaa cgc gtg gag ccc aag agc 672

His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Pro Lys Ser  
 210 215 220  
 tgc gac aag acc cac acc tgc ccc ccc tgc cct gcc ccc gag ctg ctg 720

Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu  
 225 230 235 240  
 ggc gga ccc tcc gtg ttc ctg ttc ccc ccc aag ccc aag gac acc ctc 768

Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu  
 245 250 255  
 atg atc agc cgg acc ccc gag gtg acc tgc gtg gtg gtg gac gtg agc 816

Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser  
 260 265 270  
 cac gag gac ccc gag gtg aag ttc aac tgg tac gtg gac ggc gtg gag 864

His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu

275 280 285

gtg cac aac gcc aag acc aag ccc cgg gag gag cag tac aac agc acc 912

Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr

290 295 300

tac cgg gtg gtg agc gtg ctc acc gtg ctg cac cag gac tgg ctg aac 960

Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn

305 310 315 320

ggc aag gag tac aag tgc aag gtg agc aac aag gcc ctg cct gcc ccc 1008

Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro

325 330 335

atc gag aag acc atc agc aag gcc aag ggc cag ccc cgg gag ccc cag 1056

Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln

340 345 350

gtg tac acc ctg ccc ccc agc cgg gag gag atg acc aag aac cag gtg 1104

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

355 360 365

tcc ctc acc tgt ctg gtg aag ggc ttc tac ccc agc gac atc gcc gtg 1152

Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val

370 375 380

gag tgg gag agc aac ggc cag ccc gag aac aac tac aag acc acc ccc 1200

Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro

385 390 395 400

cct gtg ctg gac agc gac ggc agc ttc ttc ctg tac agc aag ctc acc 1248

Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr

405 410 415

gtg gac aag agc cgg tgg cag cag ggc aac gtg ttc agc tgc agc gtg 1296

Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val

420 425 430

atg cac gag gcc ctg cac aac cac tac acc cag aag agc ctg agc ctg 1344  
 Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu  
 435 440 445  
 agc ccc ggc aag 1356  
 Ser Pro Gly Lys  
 450  
 <210> 429  
 <211> 452  
 <212> PRT  
 <213> Homo sapiens  
 <400  
 > 429  
 Glu Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Glu  
 1 5 10 15  
 Ser Leu Lys Ile Ser Cys Lys Gly Ser Gly Tyr Ser Phe Thr Asn Tyr  
 20 25 30  
 Trp Ile Gly Trp Val Arg Gln Met Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Met  
 35 40 45  
 Gly Ile Ile Tyr Pro Gly Asp Ser Asp Thr Arg Tyr Ser Pro Ser Phe  
 50 55 60  
  
 Gln Gly Gln Val Thr Ile Ser Ala Asp Lys Ser Ile Ser Thr Ala Tyr  
 65 70 75 80  
 Leu Gln Trp Ser Ser Leu Lys Ala Ser Asp Thr Ala Met Tyr Tyr Cys  
 85 90 95  
 Ala Arg His Thr Gln Asn Lys Asn Gly Met Asn Thr Phe Asp Ile Trp  
 100 105 110  
 Gly Gln Gly Thr Met Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro  
 115 120 125  
  
 Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr  
 130 135 140  
 Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr  
 145 150 155 160  
 Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro

	165		170		175
Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr					
	180		185		190
Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn					
	195		200		205
His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Pro Lys Ser					
	210		215		220
Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu					
	225		230		235
					240
Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu					
	245		250		255
Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser					
	260		265		270
His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu					
	275		280		285
Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr					
	290		295		300
Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn					
	305		310		315
					320
Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro					
	325		330		335
Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln					
	340		345		350
Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val					
	355		360		365
Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val					
	370		375		380
Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro					
	385		390		395
					400
Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr					
	405		410		415

Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val  
 420 425 430

Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu  
 435 440 445

Ser Pro Gly Lys  
 450

<210> 430  
 <211> 1338  
 <212> DNA  
 <213> Homo sapiens  
 <220><221> CDS  
 <222> (1)..(1338)  
 <223>  
 <400> 430

gag gtg cag ctg gtg gag tct ggg gga ggc ttg gta cag cct ggc agg 48  
 Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg  
 1 5 10 15

tcc ctg aga ctc tcc tgt gca gcc tct gga ttc acc ttt gat gat tat 96  
 Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asp Asp Tyr  
 20 25 30

gcc atg cac tgg gtc cgg caa gct cca ggg aag ggc ctg gag tgg gtc 144  
 Ala Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
 35 40 45

tca ggt att agt tgg aat agt ggt agc ata ggc tat gcg gac tct gtg 192  
 Ser Gly Ile Ser Trp Asn Ser Gly Ser Ile Gly Tyr Ala Asp Ser Val  
 50 55 60

aag ggc cga ttc acc atc tcc aga gac aac gcc aag aac tca ctg tat 240  
 Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Leu Tyr  
 65 70 75 80

ctg caa atg aac agc ctg aga gcc gag gac tcg gct gtg tat tac tgt 288  
 Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Ser Ala Val Tyr Tyr Cys  
 85 90 95

gcg agg ggt gga cag agg ttt gac ttc tgg ggc cag gga acc ctg gtc 336

Ala Arg Gly Gly Gln Arg Phe Asp Phe Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val  
 100 105 110

acc gtc tcg agt gct agc acc aag ggc ccc agc gtg ttc ccc ctg gcc 384  
 Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala  
 115 120 125

ccc agc agc aag agc acc agc ggc ggc aca gcc gcc ctg ggc tgc ctg 432  
 Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu  
 130 135 140

gtg aag gac tac ttc ccc gag ccc gtg acc gtg agc tgg aac agc ggc 480  
 Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly  
 145 150 155 160

gcc ttg acc agc ggc gtg cac acc ttc ccc gcc gtg ctg cag agc agc 528  
 Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser  
 165 170 175

ggc ctg tac agc ctg agc agc gtg gtg acc gtg ccc agc agc agc ctg 576  
 Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu  
 180 185 190

ggc acc cag acc tac atc tgc aac gtg aac cac aag ccc agc aac acc 624  
 Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr  
 195 200 205

aag gtg gac aaa cgc gtg gag ccc aag agc tgc gac aag acc cac acc 672

Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr  
 210 215 220

tgc ccc ccc tgc cct gcc ccc gag ctg ctg ggc gga ccc tcc gtg ttc 720  
 Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe  
 225 230 235 240

ctg ttc ccc ccc aag ccc aag gac acc ctc atg atc agc cgg acc ccc 768  
 Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro



245	250	255	
gag gtg acc tgc gtg gtg gac gtg agc cac gag gac ccc gag gtg			816
Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val			
260	265	270	
aag ttc aac tgg tac gtg gac ggc gtg gag gtg cac aac gcc aag acc			864
Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr			
275	280	285	
aag ccc cgg gag gag cag tac aac agc acc tac cgg gtg gtg agc gtg			912
Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val			
290	295	300	
ctc acc gtg ctg cac cag gac tgg ctg aac ggc aag gag tac aag tgc			960
Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys			
305	310	315	320
aag gtg agc aac aag gcc ctg cct gcc ccc atc gag aag acc atc agc			1008
Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser			
325	330	335	
aag gcc aag ggc cag ccc cgg gag ccc cag gtg tac acc ctg ccc ccc			1056
Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro			
340	345	350	
agc cgg gag gag atg acc aag aac cag gtg tcc ctc acc tgt ctg gtg			1104
Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val			
355	360	365	
aag ggc ttc tac ccc agc gac atc gcc gtg gag tgg gag agc aac ggc			1152
Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly			
370	375	380	
cag ccc gag aac aac tac aag acc acc ccc cct gtg ctg gac agc gac			1200
Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp			
385	390	395	400
ggc agc ttc ttc ctg tac agc aag ctc acc gtg gac aag agc cgg tgg			1248
Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp			
405	410	415	

cag cag ggc aac gtg ttc agc tgc agc gtg atg cac gag gcc ctg cac 1296  
 Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His  
                   420                  425                  430

aac cac tac acc cag aag agc ctg agc ctg agc ccc ggc aag 1338

Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys  
                   435                  440                  445

<210> 431  
 <211> 446  
 <212> PRT  
 <213> Homo sapiens  
 <400> 431

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Arg  
 1                  5                  10                  15  
 Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asp Asp Tyr  
                   20                  25                  30  
 Ala Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val  
                   35                  40                  45  
 Ser Gly Ile Ser Trp Asn Ser Gly Ser Ile Gly Tyr Ala Asp Ser Val  
                   50                  55                  60  
 Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Leu Tyr  
 65                  70                  75                  80  
 Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Ser Ala Val Tyr Tyr Cys  
                   85                  90                  95  
 Ala Arg Gly Gly Gln Arg Phe Asp Phe Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val  
                   100                  105                  110  
 Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala  
                   115                  120                  125  
 Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu  
                   130                  135                  140  
 Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly  
 145                  150                  155                  160

Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser  
 165 170 175  
 Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu  
 180 185 190  
 Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr  
 195 200 205  
 Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr  
 210 215 220  
 Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe  
 225 230 235 240  
 Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro  
 245 250 255  
 Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val  
 260 265 270  
 Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr  
 275 280 285  
 Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val  
 290 295 300  
 Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys  
 305 310 315 320  
 Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser  
 325 330 335  
 Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro  
 340 345 350  
 Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val  
 355 360 365  
 Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly  
 370 375 380  
 Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp  
 385 390 395 400  
 Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp



gcg aga ctc ggg agc agt cgc tgg tgc cac ttt gac tac tgg ggc cag 336  
 Ala Arg Leu Gly Ser Ser Arg Trp Ser His Phe Asp Tyr Trp Gly Gln  
 100 105 110

gga acc ctg gtc acc gtc tgc agt gct agc acc aag ggc ccc agc gtg 384  
 Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val  
 115 120 125

ttc ccc ctg gcc ccc agc agc aag agc acc agc ggc ggc aca gcc gcc 432  
 Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala  
 130 135 140

ctg ggc tgc ctg gtg aag gac tac ttc ccc gag ccc gtg acc gtg agc 480  
 Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser  
 145 150 155 160

tgg aac agc ggc gcc ttg acc agc ggc gtg cac acc ttc ccc gcc gtg 528

Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val  
 165 170 175

ctg cag agc agc ggc ctg tac agc ctg agc agc gtg gtg acc gtg ccc 576  
 Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro  
 180 185 190

agc agc agc ctg ggc acc cag acc tac atc tgc aac gtg aac cac aag 624  
 Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys  
 195 200 205

ccc agc aac acc aag gtg gac aaa cgc gtg gag ccc aag agc tgc gac 672  
 Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp  
 210 215 220

aag acc cac acc tgc ccc ccc tgc cct gcc ccc gag ctg ctg ggc gga 720  
 Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly  
 225 230 235 240

ccc tcc gtg ttc ctg ttc ccc ccc aag ccc aag gac acc ctc atg atc 768  
 Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile  
 245 250 255

agc cgg acc ccc gag gtg acc tgc gtg gtg gtg gac gtg agc cac gag 816

Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu  
 260 265 270  
 gac ccc gag gtg aag ttc aac tgg tac gtg gac ggc gtg gag gtg cac 864

Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His  
 275 280 285  
 aac gcc aag acc aag ccc cgg gag gag cag tac aac agc acc tac cgg 912

Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg  
 290 295 300  
 gtg gtg agc gtg ctc acc gtg ctg cac cag gac tgg ctg aac ggc aag 960

Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys  
 305 310 315 320  
 gag tac aag tgc aag gtg agc aac aag gcc ctg cct gcc ccc atc gag 1008

Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu  
 325 330 335  
 aag acc atc agc aag gcc aag ggc cag ccc cgg gag ccc cag gtg tac 1056

Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr  
 340 345 350  
 acc ctg ccc ccc agc cgg gag gag atg acc aag aac cag gtg tcc ctc 1104

Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu  
 355 360 365  
 acc tgt ctg gtg aag ggc ttc tac ccc agc gac atc gcc gtg gag tgg 1152

Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp  
 370 375 380  
 gag agc aac ggc cag ccc gag aac aac tac aag acc acc ccc cct gtg 1200

Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val  
 385 390 395 400  
 ctg gac agc gac ggc agc ttc ttc ctg tac agc aag ctc acc gtg gac 1248

Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp  
 405 410 415  
 aag agc cgg tgg cag cag ggc aac gtg ttc agc tgc agc gtg atg cac 1296

Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His

420 425 430  
 gag gcc ctg cac aac cac tac acc cag aag agc ctg agc ctg agc ccc 1344

Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro  
 435 440 445

ggc aag 1350

Gly Lys  
 450

<210> 433

<211> 450

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 433

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Glu

1 5 10 15

Ser Leu Lys Ile Ser Cys Lys Gly Ser Gly Tyr Ser Phe Thr Ser His

20 25 30

Trp Ile Gly Trp Val Arg Gln Met Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

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

50 55 60

Gln Gly Gln Val Thr Ile Ser Val Asp Lys Ser Ile Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Trp Ser Ser Leu Lys Ala Ser Asp Thr Ala Met Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Leu Gly Ser Ser Arg Trp Ser His Phe Asp Tyr Trp Gly Gln

100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val

115 120 125

Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala

130 135 140

Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser  
 145                    150                    155                    160  
 Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val  
                          165                    170                    175  
 Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro  
                          180                    185                    190  
 Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys  
                          195                    200                    205  
 Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp  
                          210                    215                    220  
 Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly  
 225                    230                    235                    240  
 Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile  
                          245                    250                    255  
 Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu  
                          260                    265                    270  
 Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His  
                          275                    280                    285  
 Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg  
                          290                    295                    300  
 Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys  
                          305                    310                    315                    320  
 Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu  
                          325                    330                    335  
 Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr  
                          340                    345                    350  
 Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu  
                          355                    360                    365  
 Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp  
                          370                    375                    380  
 Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val



385                    390                    395                    400  
 Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp  
                           405                    410                    415  
 Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His  
                           420                    425                    430  
 Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro  
  
                           435                    440                    445  
 Gly Lys  
                           450  
 <210> 434  
 <211> 1353  
 <212> DNA  
 <213> Homo sapiens  
 <220><221> CDS  
 <222> (1)..(1353)  
 <223>  
 <400> 434  
  
 cag gtc cag ctg gta cag tct ggg gca gag gtg aaa aac ccc ggg gag            48  
 Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Asn Pro Gly Glu  
 1                    5                    10                    15  
 tct ctg aag atc tcc tgt aag ggc tct gga tac act ttt acc agc tac            96  
 Ser Leu Lys Ile Ser Cys Lys Gly Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr  
  
                           20                    25                    30  
 tgg atc ggc tgg gtg cgc cag atg ccc ggg aaa ggc ctg gag tgg atg            144  
 Trp Ile Gly Trp Val Arg Gln Met Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Met  
                           35                    40                    45  
 ggc agc atc tat cct ggt gac tct gat acc aga tac agc ccg tcc ttc            192  
 Gly Ser Ile Tyr Pro Gly Asp Ser Asp Thr Arg Tyr Ser Pro Ser Phe  
                           50                    55                    60  
  
 caa ggc cag gtc acc atc tca gtc gac aag tcc atc agc acc gcc tac            240  
 Gln Gly Gln Val Thr Ile Ser Val Asp Lys Ser Ile Ser Thr Ala Tyr  
 65                    70                    75                    80

ctg cag tgg agc agc ctg aag gcc tcg gac acc gcc atg tat tac tgt 288  
 Leu Gln Trp Ser Ser Leu Lys Ala Ser Asp Thr Ala Met Tyr Tyr Cys  
                   85                  90                  95  
 gcg aga cag tat cga gcc ggc agt acc acc agg ttc gac ccc tgg ggc 336  
  
 Ala Arg Gln Tyr Arg Ala Gly Ser Thr Thr Arg Phe Asp Pro Trp Gly  
                   100                  105                  110  
 cag gga acc ctg gtc acc gtc tcg agt gct agc acc aag ggc ccc agc 384  
 Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser  
                   115                  120                  125  
 gtg ttc ccc ctg gcc ccc agc agc aag agc acc agc ggc ggc aca gcc 432  
 Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala  
  
                   130                  135                  140  
 gcc ctg ggc tgc ctg gtg aag gac tac ttc ccc gag ccc gtg acc gtg 480  
 Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val  
 145                  150                  155                  160  
 agc tgg aac agc ggc gcc ttg acc agc ggc gtg cac acc ttc ccc gcc 528  
 Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala  
                   165                  170                  175  
  
 gtg ctg cag agc agc ggc ctg tac agc ctg agc agc gtg gtg acc gtg 576  
 Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val  
                   180                  185                  190  
 ccc agc agc agc ctg ggc acc cag acc tac atc tgc aac gtg aac cac 624  
 Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His  
                   195                  200                  205  
 aag ccc agc aac acc aag gtg gac aaa cgc gtg gag ccc aag agc tgc 672  
  
 Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Pro Lys Ser Cys  
                   210                  215                  220  
 gac aag acc cac acc tgc ccc ccc tgc cct gcc ccc gag ctg ctg ggc 720  
 Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly  
 225                  230                  235                  240  
 gga ccc tcc gtg ttc ctg ttc ccc ccc aag ccc aag gac acc ctc atg 768

Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met  
 245 250 255  
 atc agc cgg acc ccc gag gtg acc tgc gtg gtg gtg gac gtg agc cac 816  
 Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His  
 260 265 270  
 gag gac ccc gag gtg aag ttc aac tgg tac gtg gac ggc gtg gag gtg 864  
 Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val  
 275 280 285  
 cac aac gcc aag acc aag ccc cgg gag gag cag tac aac agc acc tac 912  
 His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr  
 290 295 300  
 cgg gtg gtg agc gtg ctc acc gtg ctg cac cag gac tgg ctg aac ggc 960  
 Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly  
 305 310 315 320  
 aag gag tac aag tgc aag gtg agc aac aag gcc ctg cct gcc ccc atc 1008  
 Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile  
 325 330 335  
 gag aag acc atc agc aag gcc aag ggc cag ccc cgg gag ccc cag gtg 1056  
 Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val  
 340 345 350  
 tac acc ctg ccc ccc agc cgg gag gag atg acc aag aac cag gtg tcc 1104  
 Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser  
 355 360 365  
 ctc acc tgt ctg gtg aag ggc ttc tac ccc agc gac atc gcc gtg gag 1152  
 Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu  
 370 375 380  
 tgg gag agc aac ggc cag ccc gag aac aac tac aag acc acc ccc cct 1200  
 Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro  
 385 390 395 400

gtg ctg gac agc gac ggc agc ttc ttc ctg tac agc aag ctc acc gtg 1248  
 Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val  
 405 410 415

gac aag agc cgg tgg cag cag ggc aac gtg ttc agc tgc agc gtg atg 1296  
 Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met  
 420 425 430

cac gag gcc ctg cac aac cac tac acc cag aag agc ctg agc ctg agc 1344

His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser  
 435 440 445

ccc ggc aag 1353  
 Pro Gly Lys  
 450

<210> 435  
 <211> 451  
 <212> PRT  
 <213> Homo sapiens  
 <400> 435

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Asn Pro Gly Glu

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

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

115                                    120                                    125  
 Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala  
  
 130                                    135                                    140  
 Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val  
 145                                    150                                    155                                    160  
 Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala  
  
 165                                    170                                    175  
 Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val  
  
 180                                    185                                    190  
 Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His  
  
 195                                    200                                    205  
 Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Pro Lys Ser Cys  
 210                                    215                                    220  
 Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly  
 225                                    230                                    235                                    240  
 Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met  
  
 245                                    250                                    255  
 Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His  
  
 260                                    265                                    270  
 Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val  
  
 275                                    280                                    285  
 His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr  
  
 290                                    295                                    300  
 Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly  
 305                                    310                                    315                                    320  
 Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile  
  
 325                                    330                                    335  
 Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val  
  
 340                                    345                                    350  
 Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser  
  
 355                                    360                                    365

Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu  
 370 375 380

Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro

385 390 395 400

Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val  
 405 410 415

Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met  
 420 425 430

His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser  
 435 440 445

Pro Gly Lys  
 450

<210> 436

<211> 1350

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220><221> CDS

<222> (1)..(1350)

<223>

<400> 436

cag ctg cag ctg cag gag tcg ggc cca gga ctg gtg aag cct tca cag 48  
 Gln Leu Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Gln  
 1 5 10 15

acc ctg tcc ctc acc tgc act gtc tct ggt ggc tcc atc agc agt ggt 96  
 Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Ser Gly  
 20 25 30

ggt tac tac tgg agc tgg atc cgc cag cac cca ggg aag ggc ctg gag 144  
 Gly Tyr Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln His Pro Gly Lys Gly Leu Glu  
 35 40 45

tgg att ggg tac atc tat tac agt ggg agc acc tac tac aac ccg tcc 192  
 Trp Ile Gly Tyr Ile Tyr Tyr Ser Gly Ser Thr Tyr Tyr Asn Pro Ser  
 50 55 60

ctc aag agt cga gtt acc ata tca gta gac acg tct aag aac cag ttc 240

Leu Lys Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe  
 65 70 75 80

tcc ctg aag ctg agc tct gtg acc gcc gcg gac acg gcc gtc tat tac 288

Ser Leu Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr  
 85 90 95

tgt gcg aga gaa cgg ata ctg gat cgt atg aat gac tac tgg ggc cag 336

Cys Ala Arg Glu Arg Ile Leu Asp Arg Met Asn Asp Tyr Trp Gly Gln

100 105 110

gga acc ctg gtc acc gtc tcg agt gct agc acc aag ggc ccc agc gtg 384

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val  
 115 120 125

ttc ccc ctg gcc ccc agc agc aag agc acc agc ggc ggc aca gcc gcc 432

Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala  
 130 135 140

ctg ggc tgc ctg gtg aag gac tac ttc ccc gag ccc gtg acc gtg agc 480

Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser  
 145 150 155 160

tgg aac agc ggc gcc ttg acc agc ggc gtg cac acc ttc ccc gcc gtg 528

Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val  
 165 170 175

ctg cag agc agc ggc ctg tac agc ctg agc agc gtg gtg acc gtg ccc 576

Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro  
 180 185 190

agc agc agc ctg ggc acc cag acc tac atc tgc aac gtg aac cac aag 624

Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys  
 195 200 205

ccc agc aac acc aag gtg gac aaa cgc gtg gag ccc aag agc tgc gac 672

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp

210	215	220	
aag acc cac acc tgc ccc ccc tgc cct gcc ccc gag ctg ctg ggc gga			720
Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly			
225	230	235	240
ccc tcc gtg ttc ctg ttc ccc ccc aag ccc aag gac acc ctc atg atc			768
Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile			
	245	250	255
agc cgg acc ccc gag gtg acc tgc gtg gtg gtg gac gtg agc cac gag			816
Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu			
	260	265	270
gac ccc gag gtg aag ttc aac tgg tac gtg gac ggc gtg gag gtg cac			864
Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His			
	275	280	285
aac gcc aag acc aag ccc cgg gag gag cag tac aac agc acc tac cgg			912
Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg			
	290	295	300
gtg gtg agc gtg ctc acc gtg ctg cac cag gac tgg ctg aac ggc aag			960
Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys			
305	310	315	320
gag tac aag tgc aag gtg agc aac aag gcc ctg cct gcc ccc atc gag			1008
Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu			
	325	330	335
aag acc atc agc aag gcc aag ggc cag ccc cgg gag ccc cag gtg tac			1056
Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr			
	340	345	350
acc ctg ccc ccc agc cgg gag gag atg acc aag aac cag gtg tcc ctc			1104
Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu			
	355	360	365
acc tgt ctg gtg aag ggc ttc tac ccc agc gac atc gcc gtg gag tgg			1152
Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp			
370	375	380	



gag agc aac ggc cag ccc gag aac aac tac aag acc acc ccc cct gtg 1200  
 Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val  
 385 390 395 400  
 ctg gac agc gac ggc agc ttc ttc ctg tac agc aag ctc acc gtg gac 1248

Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp  
 405 410 415  
 aag agc cgg tgg cag cag ggc aac gtg ttc agc tgc agc gtg atg cac 1296  
 Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His  
 420 425 430  
 gag gcc ctg cac aac cac tac acc cag aag agc ctg agc ctg agc ccc 1344  
 Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro  
 435 440 445  
 ggc aag 1350  
 Gly Lys  
 450  
 <210> 437  
 <211> 450  
 <212> PRT  
 <213> Homo sapiens  
 <400> 437

Gln Leu Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Gln  
 1 5 10 15  
 Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Ser Gly  
 20 25 30  
 Gly Tyr Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln His Pro Gly Lys Gly Leu Glu  
 35 40 45  
 Trp Ile Gly Tyr Ile Tyr Tyr Ser Gly Ser Thr Tyr Tyr Asn Pro Ser  
 50 55 60  
 Leu Lys Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe  
 65 70 75 80  
 Ser Leu Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr



Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr

340 345 350

Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu

355 360 365

Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp

370 375 380

Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val

385 390 395 400

Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp

405 410 415

Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His

420 425 430

Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro

435 440 445

Gly Lys

450

<210> 438

<211> 648

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220><221> CDS

<222> (1)..(648)

<223>

<400> 438

tcc tat gtg ctg act cag cca ccc tca gtg tca gtg gcc cca gga cag 48

Ser Tyr Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ala Pro Gly Gln

1 5 10 15

acg gcc agg att acc tgt ggg gga aac aac att gga agt aaa agt gtg 96

Thr Ala Arg Ile Thr Cys Gly Gly Asn Asn Ile Gly Ser Lys Ser Val

20 25 30

cac tgg tac cag cag aag cca ggc cag tcc cct gtg ttg gtc atg tat 144

His Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Val Leu Val Met Tyr  
 35 40 45  
 caa gat agg agg egg ccc tca ggg atc cct gag cga ttc tct ggc tcc 192  
 Gln Asp Arg Arg Arg Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser  
 50 55 60  
 aac tct ggg cac aca gcc act ctg acc atc agc ggg acc cag gct atg 240  
 Asn Ser Gly His Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Met  
 65 70 75 80  
 gat gag gct gac tat tac tgt cag gcg tgg gac agc agc act ggg gtc 288  
 Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Asp Ser Ser Thr Gly Val  
 85 90 95  
 ttc gga act ggg acc cag ctc acc gtt tta agt gcg gcc gca ggc cag 336  
 Phe Gly Thr Gly Thr Gln Leu Thr Val Leu Ser Ala Ala Ala Gly Gln  
 100 105 110  
 ccc aag gcc gct ccc agc gtg acc ctg ttc ccc ccc tcc tcc gag gag 384  
 Pro Lys Ala Ala Pro Ser Val Thr Leu Phe Pro Pro Ser Ser Glu Glu  
 115 120 125  
 ctg cag gcc aac aag gcc acc ctg gtg tgc ctc atc agc gac ttc tac 432  
 Leu Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ile Ser Asp Phe Tyr  
 130 135 140  
 cct ggc gcc gtg acc gtg gcc tgg aag gcc gac agc agc ccc gtg aag 480  
 Pro Gly Ala Val Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp Ser Ser Pro Val Lys  
 145 150 155 160  
 gcc ggc gtg gag acc acc acc ccc agc aag cag agc aac aac aag tac 528  
 Ala Gly Val Glu Thr Thr Thr Pro Ser Lys Gln Ser Asn Asn Lys Tyr  
 165 170 175  
 gcc gcc agc agc tac ctg agc ctc acc ccc gag cag tgg aag agc cac 576  
 Ala Ala Ser Ser Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu Gln Trp Lys Ser His  
 180 185 190

cgg agc tac agc tgc cag gtg acc cac gag ggc agc acc gtg gag aag 624  
 Arg Ser Tyr Ser Cys Gln Val Thr His Glu Gly Ser Thr Val Glu Lys  
 195 200 205  
 acc gtg gcc ccc acc gag tgc agc 648  
 Thr Val Ala Pro Thr Glu Cys Ser  
 210 215  
 <210> 439  
 <211> 216  
 <212> PRT  
 <213> Homo sapiens  
 <400>  
 > 439  
 Ser Tyr Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ala Pro Gly Gln  
 1 5 10 15  
 Thr Ala Arg Ile Thr Cys Gly Gly Asn Asn Ile Gly Ser Lys Ser Val  
 20 25 30  
 His Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Val Leu Val Met Tyr  
 35 40 45  
 Gln Asp Arg Arg Arg Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser  
 50 55 60  
  
 Asn Ser Gly His Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Met  
 65 70 75 80  
 Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Asp Ser Ser Thr Gly Val  
 85 90 95  
 Phe Gly Thr Gly Thr Gln Leu Thr Val Leu Ser Ala Ala Ala Gly Gln  
 100 105 110  
 Pro Lys Ala Ala Pro Ser Val Thr Leu Phe Pro Pro Ser Ser Glu Glu  
 115 120 125  
  
 Leu Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ile Ser Asp Phe Tyr  
 130 135 140  
 Pro Gly Ala Val Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp Ser Ser Pro Val Lys  
 145 150 155 160  
 Ala Gly Val Glu Thr Thr Thr Pro Ser Lys Gln Ser Asn Asn Lys Tyr



Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Ala Trp Asp Asp Ser Leu

85 90 95

aga cgt ccg gtt ttc ggc gga ggg acc cag ctc acc gtt tta agt gcg 336

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

100 105 110

gcc gca ggc cag ccc aag gcc gct ccc agc gtg acc ctg ttc ccc ccc 384

Ala Ala Gly Gln Pro Lys Ala Ala Pro Ser Val Thr Leu Phe Pro Pro

115 120 125

tcc tcc gag gag ctg cag gcc aac aag gcc acc ctg gtg tgc ctc atc 432

Ser Ser Glu Glu Leu Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ile

130 135 140

agc gac ttc tac cct ggc gcc gtg acc gtg gcc tgg aag gcc gac agc 480

Ser Asp Phe Tyr Pro Gly Ala Val Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp Ser

145 150 155 160

agc ccc gtg aag gcc ggc gtg gag acc acc acc ccc agc aag cag agc 528

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

165 170 175

aac aac aag tac gcc gcc agc agc tac ctg agc ctc acc ccc gag cag 576

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

180 185 190

tgg aag agc cac cgg agc tac agc tgc cag gtg acc cac gag ggc agc 624

Trp Lys Ser His Arg Ser Tyr Ser Cys Gln Val Thr His Glu Gly Ser

195 200 205

acc gtg gag aag acc gtg gcc ccc acc gag tgc agc 660

Thr Val Glu Lys Thr Val Ala Pro Thr Glu Cys Ser

210 215 220

<210> 441

<211> 220

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 441

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

<210> 442  
 <211> 663  
 <212> DNA



<213> Homo sapiens

<220><221> CDS

<222> (1)..(663)

<223>

<400> 442

cag tct gcc ctg act cag cct cgc tca gtg ccc ggg tct cct gga cag 48

Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Arg Ser Val Pro Gly Ser Pro Gly Gln

1 5 10 15

tca gtc acc atc tcc tgc act gga acc agc agt gat gtt ggt ggt tat 96

Ser Val Thr Ile Ser Cys Thr Gly Thr Ser Ser Asp Val Gly Gly Tyr

20 25 30

aac tat gtc tcc tgg tac caa cag cac cca ggc aaa gcc ccc aaa ctc 144

Asn Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln His Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu

35 40 45

atg att tat gat gtc agt aag cgg ccc tca ggg gtc cct gat cgc ttc 192

Met Ile Tyr Asp Val Ser Lys Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe

50 55 60

tct ggc tcc aag tct ggc aac acg gcc tcc ctg acc gtc tct ggg ctc 240

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

65 70 75 80

cag gct gag gat gag gct gat tat tac tgc agc tca tat gca ggc agc 288

Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ser Ser Tyr Ala Gly Ser

85 90 95

aac aat ttt gtg gta ttc ggc gga ggg acc aag ctg acc gtc cta ggt 336

Asn Asn Phe Val Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly

100 105 110

gcg gcc gca ggc cag ccc aag gcc gct ccc agc gtg acc ctg ttc ccc 384

Ala Ala Ala Gly Gln Pro Lys Ala Ala Pro Ser Val Thr Leu Phe Pro

115 120 125

ccc tcc tcc gag gag ctg cag gcc aac aag gcc acc ctg gtg tgc ctc 432

Pro Ser Ser Glu Glu Leu Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu



85 90 95  
 Asn Asn Phe Val Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly

100 105 110  
 Ala Ala Ala Gly Gln Pro Lys Ala Ala Pro Ser Val Thr Leu Phe Pro

115 120 125  
 Pro Ser Ser Glu Glu Leu Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu

130 135 140  
 Ile Ser Asp Phe Tyr Pro Gly Ala Val Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp

145 150 155 160  
 Ser Ser Pro Val Lys Ala Gly Val Glu Thr Thr Thr Pro Ser Lys Gln

165 170 175  
 Ser Asn Asn Lys Tyr Ala Ala Ser Ser Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu

180 185 190  
 Gln Trp Lys Ser His Arg Ser Tyr Ser Cys Gln Val Thr His Glu Gly

195 200 205  
 Ser Thr Val Glu Lys Thr Val Ala Pro Thr Glu Cys Ser

210 215 220

<210> 444

<211> 639

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220><221>

CDS

<222> (1)..(639)

<223>

<400> 444

gac atc cag ttg acc cag tct ccg tcc ttc ctg tct gca tct gta gga 48

Asp Ile Gln Leu Thr Gln Ser Pro Ser Phe Leu Ser Ala Ser Val Gly  
 1 5 10 15

gac aga gtc acc atc act tgc cgg gcc agt cag ggc att aga agt cat 96

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Gly Ile Arg Ser His  
 20 25 30

tta gcc tgg tat cag cag aaa gca ggg aaa gcc cct aag ctc ctg atc 144  
  
 Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Ala Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile  
           35                          40                          45  
 tat gct gca tcc act ttg caa agt ggg gtc cca tca agg ttc agc ggc 192  
 Tyr Ala Ala Ser Thr Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly  
           50                          55                          60  
 agt gga tct ggg aca gag ttc act ctc aca atc agc agc ctg cag cct 240  
 Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro  
  
 65                          70                          75                          80  
 gac gat ttt gca gct tat tac tgt caa caa ctt aat act tac ccg atc 288  
 Asp Asp Phe Ala Ala Tyr Tyr Cys Gln Gln Leu Asn Thr Tyr Pro Ile  
                           85                          90                          95  
 acc ttc ggc caa ggg aca cga ctg gag att aaa cgt gcg gcc gca ccc 336  
 Thr Phe Gly Gln Gly Thr Arg Leu Glu Ile Lys Arg Ala Ala Ala Pro  
                           100                          105                          110  
  
 agc gtg ttc atc ttc ccc ccc tcc gac gag cag ctg aag agc ggc acc 384  
 Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr  
           115                          120                          125  
 gcc agc gtg gtg tgc ctg ctg aac aac ttc tac ccc cgg gag gcc aag 432  
 Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys  
           130                          135                          140  
 gtg cag tgg aag gtg gac aac gcc ctg cag agc ggc aac agc cag gag 480  
  
 Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu  
 145                          150                          155                          160  
 agc gtg acc gag cag gac agc aag gac tcc acc tac agc ctg agc agc 528  
 Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser  
                           165                          170                          175  
 acc ctc acc ctg agc aag gcc gac tac gag aag cac aag gtg tac gcc 576  
 Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala

180 185 190  
 tgc gag gtg acc cac cag ggc ctg agc agc ccc gtg acc aag agc ttc 624  
 Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe

195 200 205  
 aac cgg ggc gag tgt 639  
 Asn Arg Gly Glu Cys  
 210

<210> 445  
 <211> 213  
 <212> PRT  
 <213> Homo sapiens  
 <400> 445

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

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

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

Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser  
 165 170 175  
 Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala  
 180 185 190  
 Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe  
 195 200 205  
 Asn Arg Gly Glu Cys  
 210  
 <210> 446  
 <211> 657  
 <212> DNA  
 <213> Homo sapiens  
 <220><221> CDS  
 <222> (1)..(657)  
 <223>  
 <400> 446  
 gac atc cag atg acc cag tct cca gac tcc ctg gct gtg tct ctg ggc 48  
 Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Asp Ser Leu Ala Val Ser Leu Gly  
 1 5 10 15  
 gag agg gcc acc atc aac tgc aag tcc agc cag agt gtt tta cac aac 96  
 Glu Arg Ala Thr Ile Asn Cys Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu His Asn  
 20 25 30  
 tcc aac aat aag aac tac tta gct tgg tac cag cag aaa cca gga cag 144  
 Ser Asn Asn Lys Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln  
 35 40 45  
 cct cct aag ctg ctc att tac tgg gca tct acc cgg gaa tcc ggg gtc 192  
 Pro Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val  
 50 55 60  
 cct gac cga ttc agt ggc agc ggg tct ggg aca gat ttc act ctc acc 240  
 Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr  
 65 70 75 80

atc agc agc ctg cag gct gaa gat gtg gca gtt tat tac tgt cag caa 288

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

tat tat ggt tca ccg tac act ttt ggc cag ggg acc aag ctg gag atc 336

Tyr Tyr Gly Ser Pro Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile  
 100 105 110

aaa cgt gcg gcc gca ccc agc gtg ttc atc ttc ccc ccc tcc gac gag 384

Lys Arg Ala Ala Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu  
 115 120 125

cag ctg aag agc ggc acc gcc agc gtg gtg tgc ctg ctg aac aac ttc 432

Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe  
 130 135 140

tac ccc cgg gag gcc aag gtg cag tgg aag gtg gac aac gcc ctg cag 480

Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln  
 145 150 155 160

agc ggc aac agc cag gag agc gtg acc gag cag gac agc aag gac tcc 528

Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser  
 165 170 175

acc tac agc ctg agc agc acc ctc acc ctg agc aag gcc gac tac gag 576

Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu  
 180 185 190

aag cac aag gtg tac gcc tgc gag gtg acc cac cag ggc ctg agc agc 624

Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser  
 195 200 205

ccc gtg acc aag agc ttc aac cgg ggc gag tgt 657

Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys  
 210 215

<210> 447  
 <211> 219  
 <212> PRT  
 <213> Homo sapiens

<400> 447

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Asp Ser Leu Ala Val Ser Leu Gly

1                    5                    10                    15

Glu Arg Ala Thr Ile Asn Cys Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu His Asn

                  20                    25                    30

Ser Asn Asn Lys Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln

                  35                    40                    45

Pro Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val

                  50                    55                    60

Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr

65                    70                    75                    80

Ile Ser Ser Leu Gln Ala Glu Asp Val Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln

                  85                    90                    95

Tyr Tyr Gly Ser Pro Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile

                  100                    105                    110

Lys Arg Ala Ala Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu

                  115                    120                    125

Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe

                  130                    135                    140

Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln

145                    150                    155                    160

Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser

                  165                    170                    175

Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu

                  180                    185                    190

Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser

                  195                    200                    205

Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys

                  210                    215

<210> 448

<211> 660



<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220><221> CDS

<222> (1)..(660)

<223>

<400> 448

tcc tat gtg ctg act cag cca ccc tca gcg tct ggg acc ccc ggg cag 48

Ser Tyr Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Ser Gly Thr Pro Gly Gln

1 5 10 15

agg gtc acc atc tct tgt tct gga agc tcc tcc aac atc gga agt aat 96

Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Ser Asn

20 25 30

ttt gta tac tgg tac cag cag ctc cca gga acg gcc ccc aaa ctc ctc 144

Phe Val Tyr Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu

35 40 45

atc tat agg aat aat cag cgg ccc tca ggg gtc cct gac cga ttc tct 192

Ile Tyr Arg Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser

50 55 60

ggc tcc aag tct ggc acc tca gcc tcc ctg gcc atc agt ggg ctc cgg 240

Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Arg

65 70 75 80

tcc gag gat gag gct gat tat tac tgt gca gca tgg gat gac agc ctg 288

Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Ala Trp Asp Asp Ser Leu

85 90 95

agt ggt gtg cta ttc ggc gga ggc acc cag ctg acc gtc ctc ggt gcg 336

Ser Gly Val Leu Phe Gly Gly Gly Thr Gln Leu Thr Val Leu Gly Ala

100 105 110

gcc gca ggc cag ccc aag gcc gct ccc agc gtg acc ctg ttc ccc ccc 384

Ala Ala Gly Gln Pro Lys Ala Ala Pro Ser Val Thr Leu Phe Pro Pro

115 120 125

tcc tcc gag gag ctg cag gcc aac aag gcc acc ctg gtg tgc ctc atc 432

Ser Ser Glu Glu Leu Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ile  
 130 135 140  
 agc gac ttc tac cct ggc gcc gtg acc gtg gcc tgg aag gcc gac agc 480  
 Ser Asp Phe Tyr Pro Gly Ala Val Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp Ser  
 145 150 155 160  
 agc ccc gtg aag gcc ggc gtg gag acc acc acc ccc agc aag cag agc 528  
 Ser Pro Val Lys Ala Gly Val Glu Thr Thr Thr Pro Ser Lys Gln Ser  
 165 170 175  
 aac aac aag tac gcc gcc agc agc tac ctg agc ctc acc ccc gag cag 576  
 Asn Asn Lys Tyr Ala Ala Ser Ser Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu Gln  
 180 185 190  
 tgg aag agc cac cgg agc tac agc tgc cag gtg acc cac gag ggc agc 624  
 Trp Lys Ser His Arg Ser Tyr Ser Cys Gln Val Thr His Glu Gly Ser  
 195 200 205  
 acc gtg gag aag acc gtg gcc ccc acc gag tgc agc 660  
 Thr Val Glu Lys Thr Val Ala Pro Thr Glu Cys Ser  
 210 215 220  
 <210> 449  
 <211> 220  
 <212> PRT  
 <213> Homo sapiens  
 <400> 449  
 Ser Tyr Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Ser Gly Thr Pro Gly Gln  
 1 5 10 15  
 Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Ser Asn  
 20 25 30  
 Phe Val Tyr Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu  
 35 40 45  
 Ile Tyr Arg Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser  
 50 55 60  
 Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Arg  
 65 70 75 80

Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Ala Trp Asp Asp Ser Leu  
 85 90 95

Ser Gly Val Leu Phe Gly Gly Gly Thr Gln Leu Thr Val Leu Gly Ala  
 100 105 110

Ala Ala Gly Gln Pro Lys Ala Ala Pro Ser Val Thr Leu Phe Pro Pro  
 115 120 125

Ser Ser Glu Glu Leu Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ile  
 130 135 140

Ser Asp Phe Tyr Pro Gly Ala Val Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp Ser  
 145 150 155 160

Ser Pro Val Lys Ala Gly Val Glu Thr Thr Thr Pro Ser Lys Gln Ser  
 165 170 175

Asn Asn Lys Tyr Ala Ala Ser Ser Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu Gln  
 180 185 190

Trp Lys Ser His Arg Ser Tyr Ser Cys Gln Val Thr His Glu Gly Ser  
 195 200 205

Thr Val Glu Lys Thr Val Ala Pro Thr Glu Cys Ser  
 210 215 220

<210> 450

<

211> 639

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220><221> CDS

<222> (1)..(639)

<223>

<400> 450

gac atc cag ttg acc cag tct cct tcc acc ctg tct gca tct gta gga 48  
 Asp Ile Gln Leu Thr Gln Ser Pro Ser Thr Leu Ser Ala Ser Val Gly  
 1 5 10 15

gac aga gtc acc atc act tgc cgg gca agt cag agc att agc agc tat 96  
 Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Ser Ile Ser Ser Tyr

20	25	30	
tta aat tgg tat cag cag aaa cca ggg aaa gcc cct aag ctc ctg atc			144
Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile			
35	40	45	
tat gct gca tcc agt ttg caa agt ggg gtc cca tca agg ttc agt ggc			192
Tyr Ala Ala Ser Ser Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly			
50	55	60	
agt gga tct ggg aca gat ttc act ctc acc atc agc agt ctg caa cct			240
Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro			
65	70	75	80
gaa gat ttt gca act tac tac tgt caa cag agt tac agt acc cca ttc			288
Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Tyr Ser Thr Pro Phe			
85	90	95	
act ttc ggc cct ggg acc aaa gtg gat atc aaa cgt gcg gcc gca ccc			336
Thr Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys Arg Ala Ala Ala Pro			
100	105	110	
agc gtg ttc atc ttc ccc ccc tcc gac gag cag ctg aag agc ggc acc			384
Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr			
115	120	125	
gcc agc gtg gtg tgc ctg ctg aac aac ttc tac ccc cgg gag gcc aag			432
Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys			
130	135	140	
gtg cag tgg aag gtg gac aac gcc ctg cag agc ggc aac agc cag gag			480
Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu			
145	150	155	160
agc gtg acc gag cag gac agc aag gac tcc acc tac agc ctg agc agc			528
Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser			
165	170	175	
acc ctc acc ctg agc aag gcc gac tac gag aag cac aag gtg tac gcc			576

Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala  
 180 185 190  
 tgc gag gtg acc cac cag ggc ctg agc agc ccc gtg acc aag agc ttc 624  
 Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe  
 195 200 205  
 aac cgg ggc gag tgt 639  
 Asn Arg Gly Glu Cys

210  
 <210> 451  
 <211> 213  
 <212> PRT  
 <213> Homo sapiens  
 <400> 451

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

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

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

145                    150                    155                    160  
 Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser  
                          165                    170                    175  
  
 Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala  
                          180                    185                    190  
 Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe  
                          195                    200                    205  
 Asn Arg Gly Glu Cys  
                          210  
 <210> 452  
 <211> 663  
 <212> DNA  
 <213> Homo sapiens  
 <220><221> CDS  
 <222> (1)..(663)  
 <223>  
 <400> 452  
  
 cag tct gcc ctg act cag cct ccc tcc gcg tcc ggg tct cct gga cag            48  
 Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Ser Gly Ser Pro Gly Gln  
  
 1                    5                    10                    15  
 tcg gtc acc atc tcc tgc act gga acc agc agt gac gtt ggt ggt tat            96  
 Ser Val Thr Ile Ser Cys Thr Gly Thr Ser Ser Asp Val Gly Gly Tyr  
                          20                    25                    30  
 aac tat gtc tcc tgg tac caa cgg cac cca ggc aaa gcc ccc aaa ctc            144  
 Asn Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Arg His Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu  
                          35                    40                    45  
  
 atg att tat gat gtc act gat cgg ccc tca ggg gtt tct aat cgc ttc            192  
 Met Ile Tyr Asp Val Thr Asp Arg Pro Ser Gly Val Ser Asn Arg Phe  
                          50                    55                    60  
 tct ggc tcc aag tct ggc aac acg gcc tcc ctg acc atc tct ggg ctc            240  
 Ser Gly Ser Lys Ser Gly Asn Thr Ala Ser Leu Thr Ile Ser Gly Leu  
 65                    70                    75                    80

cag gct gag gac gag gct gat tat tac tgc agc tca tat aca agc agc 288

Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ser Ser Tyr Thr Ser Ser  
 85 90 95

agc act tcc gcg gtt ttc ggc gga ggg acc aag ctg acc gtc cta ggt 336

Ser Thr Ser Ala Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly  
 100 105 110

gcg gcc gca ggc cag ccc aag gcc gct ccc agc gtg acc ctg ttc ccc 384

Ala Ala Ala Gly Gln Pro Lys Ala Ala Pro Ser Val Thr Leu Phe Pro  
 115 120 125

ccc tcc tcc gag gag ctg cag gcc aac aag gcc acc ctg gtg tgc ctc 432

Pro Ser Ser Glu Glu Leu Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu  
 130 135 140

atc agc gac ttc tac cct ggc gcc gtg acc gtg gcc tgg aag gcc gac 480

Ile Ser Asp Phe Tyr Pro Gly Ala Val Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp  
 145 150 155 160

agc agc ccc gtg aag gcc ggc gtg gag acc acc acc ccc agc aag cag 528

Ser Ser Pro Val Lys Ala Gly Val Glu Thr Thr Thr Pro Ser Lys Gln  
 165 170 175

agc aac aac aag tac gcc gcc agc agc tac ctg agc ctc acc ccc gag 576

Ser Asn Asn Lys Tyr Ala Ala Ser Ser Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu  
 180 185 190

cag tgg aag agc cac cgg agc tac agc tgc cag gtg acc cac gag ggc 624

Gln Trp Lys Ser His Arg Ser Tyr Ser Cys Gln Val Thr His Glu Gly  
 195 200 205

agc acc gtg gag aag acc gtg gcc ccc acc gag tgc agc 663

Ser Thr Val Glu Lys Thr Val Ala Pro Thr Glu Cys Ser  
 210 215 220

<210> 453  
 <211> 221  
 <212> PRT  
 <213> Homo sapiens

<400> 453

Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Ser Gly Ser Pro Gly Gln

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

65                    70                    75                    80  
 Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ser Ser Tyr Thr Ser Ser  
                   85                    90                    95  
 Ser Thr Ser Ala Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly  
                   100                    105                    110  
 Ala Ala Ala Gly Gln Pro Lys Ala Ala Pro Ser Val Thr Leu Phe Pro  
                   115                    120                    125  
 Pro Ser Ser Glu Glu Leu Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu

130                    135                    140  
 Ile Ser Asp Phe Tyr Pro Gly Ala Val Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp  
 145                    150                    155                    160  
 Ser Ser Pro Val Lys Ala Gly Val Glu Thr Thr Thr Pro Ser Lys Gln  
                   165                    170                    175  
 Ser Asn Asn Lys Tyr Ala Ala Ser Ser Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu  
                   180                    185                    190  
 Gln Trp Lys Ser His Arg Ser Tyr Ser Cys Gln Val Thr His Glu Gly

195                    200                    205  
 Ser Thr Val Glu Lys Thr Val Ala Pro Thr Glu Cys Ser  
                   210                    215                    220

<210> 454

<211> 639



<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220><221> CDS

<222> (1)..(639)

<223>

<400> 454

gac atc cag ttg acc cag tct cct tcc acc ctg tct gca tct gta gga 48

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

1 5 10 15

gac aga gtc acc atc acg tgc cgg gcc agt cag agc att agt agc tgg 96

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Ser Ile Ser Ser Trp

20 25 30

ttg gcc tgg tat cag caa aaa cca ggg aaa gcc cct aag ctc ctg atc 144

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile

35 40 45

tat aag gcg tct agt tta gaa aca ggg gtc cca tca agg ttc agc ggc 192

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

50 55 60

agt gga tct ggg aca gat ttc act ctc acc atc agc agc ctg cag cct 240

Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro

65 70 75 80

gaa gat ttt gca act tac tat tgt caa cag gcc aac agt ttc ccg ctc 288

Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Ala Asn Ser Phe Pro Leu

85 90 95

act ttc ggc gga ggg acc aaa gtg gat atc aaa cgt gcg gcc gca ccc 336

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

100 105 110

agc gtg ttc atc ttc ccc ccc tcc gac gag cag ctg aag agc ggc acc 384

Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr

115 120 125

gcc agc gtg gtg tgc ctg ctg aac aac ttc tac ccc cgg gag gcc aag 432

Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys  
 130 135 140  
 gtg cag tgg aag gtg gac aac gcc ctg cag agc ggc aac agc cag gag 480  
 Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu  
 145 150 155 160  
 agc gtg acc gag cag gac agc aag gac tcc acc tac agc ctg agc agc 528  
  
 Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser  
 165 170 175  
 acc ctc acc ctg agc aag gcc gac tac gag aag cac aag gtg tac gcc 576  
 Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala  
 180 185 190  
 tgc gag gtg acc cac cag ggc ctg agc agc ccc gtg acc aag agc ttc 624  
 Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe  
  
 195 200 205  
 aac cgg ggc gag tgt 639  
 Asn Arg Gly Glu Cys  
 210  
 <210> 455  
 <211> 213  
 <212> PRT  
 <213> Homo sapiens  
 <400> 455  
 Asp Ile Gln Leu Thr Gln Ser Pro Ser Thr Leu Ser Ala Ser Val Gly  
 1 5 10 15  
 Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Ser Ile Ser Ser Trp  
  
 20 25 30  
 Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile  
 35 40 45  
 Tyr Lys Ala Ser Ser Leu Glu Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly  
 50 55 60  
 Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro  
 65 70 75 80

Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Ala Asn Ser Phe Pro Leu

85 90 95

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

100 105 110

Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr

115 120 125

Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys

130 135 140

Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu

145 150 155 160

Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser

165 170 175

Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala

180 185 190

Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe

195 200 205

Asn Arg Gly Glu Cys

210

<210

> 456

<211> 660

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220><221> CDS

<222> (1)..(660)

<223>

<400> 456

cag tct gtc gtg acg cag ccg ccc tca gcg tct ggg acc ccc ggg cag 48

Gln Ser Val Val Thr Gln Pro Pro Ser Ala Ser Gly Thr Pro Gly Gln

1 5 10 15

agg gtc acc atc tct tgt tct gga agc agc tcc aac atc gga agt aat 96

Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Ser Asn

20	25	30	
tat gta tac tgg tac cag cag ctc cca gga acg gcc ccc aaa ctc ctc			144
Tyr Val Tyr Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu			
35	40	45	
atc tat agg aat aat cag cgg ccc tca ggg gtc cct gac cga ttc tct			192
Ile Tyr Arg Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser			
50	55	60	
ggc tcc aag tct ggc acc tca gcc tcc ctg gcc atc agt ggg ctc cgg			240
Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Arg			
65	70	75	80
tcc gag gat gag gct gat tat tac tgt gca gca tgg gat gac agc ctg			288
Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Ala Trp Asp Asp Ser Leu			
85	90	95	
agt ggt tgg gtg ttc ggc gga ggc acc cag ctg acc gtc ctc ggt gcg			336
Ser Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Gln Leu Thr Val Leu Gly Ala			
100	105	110	
gcc gca ggc cag ccc aag gcc gct ccc agc gtg acc ctg ttc ccc ccc			384
Ala Ala Gly Gln Pro Lys Ala Ala Pro Ser Val Thr Leu Phe Pro Pro			
115	120	125	
tcc tcc gag gag ctg cag gcc aac aag gcc acc ctg gtg tgc ctc atc			432
Ser Ser Glu Glu Leu Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ile			
130	135	140	
agc gac ttc tac cct ggc gcc gtg acc gtg gcc tgg aag gcc gac agc			480
Ser Asp Phe Tyr Pro Gly Ala Val Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp Ser			
145	150	155	160
agc ccc gtg aag gcc ggc gtg gag acc acc acc ccc agc aag cag agc			528
Ser Pro Val Lys Ala Gly Val Glu Thr Thr Thr Pro Ser Lys Gln Ser			
165	170	175	
aac aac aag tac gcc gcc agc agc tac ctg agc ctc acc ccc gag cag			576

Asn Asn Lys Tyr Ala Ala Ser Ser Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu Gln  
                   180                                  185                                  190  
 tgg aag agc cac cgg agc tac agc tgc cag gtg acc cac gag ggc agc                  624  
 Trp Lys Ser His Arg Ser Tyr Ser Cys Gln Val Thr His Glu Gly Ser  
                   195                                  200                                  205  
 acc gtg gag aag acc gtg gcc ccc acc gag tgc agc                                  660  
 Thr Val Glu Lys Thr Val Ala Pro Thr Glu Cys Ser  
  
                   210                                  215                                  220  
 <210> 457  
 <211> 220  
 <212> PRT  
 <213> Homo sapiens  
 <400> 457  
 Gln Ser Val Val Thr Gln Pro Pro Ser Ala Ser Gly Thr Pro Gly Gln  
 1                                  5                                  10                                  15  
 Arg Val Thr Ile Ser Cys Ser Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Ser Asn  
                   20                                  25                                  30  
 Tyr Val Tyr Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu Leu  
                   35                                  40                                  45  
  
 Ile Tyr Arg Asn Asn Gln Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser  
                   50                                  55                                  60  
 Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Ser Gly Leu Arg  
 65                                  70                                  75                                  80  
 Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Ala Trp Asp Asp Ser Leu  
                   85                                  90                                  95  
 Ser Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Gln Leu Thr Val Leu Gly Ala  
                   100                                  105                                  110  
  
 Ala Ala Gly Gln Pro Lys Ala Ala Pro Ser Val Thr Leu Phe Pro Pro  
                   115                                  120                                  125  
 Ser Ser Glu Glu Leu Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ile  
                   130                                  135                                  140  
 Ser Asp Phe Tyr Pro Gly Ala Val Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp Ser

145                    150                    155                    160  
 Ser Pro Val Lys Ala Gly Val Glu Thr Thr Thr Pro Ser Lys Gln Ser  
                          165                    170                    175

Asn Asn Lys Tyr Ala Ala Ser Ser Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu Gln  
                          180                    185                    190  
 Trp Lys Ser His Arg Ser Tyr Ser Cys Gln Val Thr His Glu Gly Ser  
                          195                    200                    205  
 Thr Val Glu Lys Thr Val Ala Pro Thr Glu Cys Ser  
                          210                    215                    220

<210> 458

<211> 663

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220><221> CDS

<222> (1)..(663)

<223>

<400> 458

cag tct gtg ttg acg cag ccg ccc tca gtg tct ggg gcc cca ggg cag 48

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Gly Ala Pro Gly Gln  
 1                    5                    10                    15

agg gtc acc atc tcc tgc act ggg agc agc tcc aac atc ggg aca ggt 96

Arg Val Thr Ile Ser Cys Thr Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Thr Gly  
                          20                    25                    30

tat gat gta cac tgg tac cag cag ctt cca gga aca gcc ccc aaa ctc 144

Tyr Asp Val His Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu  
                          35                    40                    45

ctc atc tat ggt aac aac aat cgg ccc tca ggg gtc cct gac cga ttc 192

Leu Ile Tyr Gly Asn Asn Asn Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe  
                          50                    55                    60

tct ggc tcc aag tct ggc acc tca gcc tcc ctg gcc atc act gga ctc 240

Ser Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Thr Gly Leu

65	70	75	80	
cag gct gag gat gag gct gat tat tac tgt gca aca tgg gat gac agc				288
Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Thr Trp Asp Asp Ser				
	85	90	95	
ctg aat ggt tgg gtg ttc ggc gga ggg acc aag ctg acc gtc cca ggt				336
Leu Asn Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Pro Gly				
	100	105	110	
gcg gcc gca ggc cag ccc aag gcc gct ccc agc gtg acc ctg ttc ccc				384
Ala Ala Ala Gly Gln Pro Lys Ala Ala Pro Ser Val Thr Leu Phe Pro				
	115	120	125	
ccc tcc tcc gag gag ctg cag gcc aac aag gcc acc ctg gtg tgc etc				432
Pro Ser Ser Glu Glu Leu Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu				
	130	135	140	
atc agc gac ttc tac cct ggc gcc gtg acc gtg gcc tgg aag gcc gac				480
Ile Ser Asp Phe Tyr Pro Gly Ala Val Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp				
145	150	155	160	
agc agc ccc gtg aag gcc ggc gtg gag acc acc acc ccc agc aag cag				528
Ser Ser Pro Val Lys Ala Gly Val Glu Thr Thr Thr Pro Ser Lys Gln				
	165	170	175	
agc aac aac aag tac gcc gcc agc agc tac ctg agc ctc acc ccc gag				576
Ser Asn Asn Lys Tyr Ala Ala Ser Ser Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu				
	180	185	190	
cag tgg aag agc cac cgg agc tac agc tgc cag gtg acc cac gag ggc				624
Gln Trp Lys Ser His Arg Ser Tyr Ser Cys Gln Val Thr His Glu Gly				
	195	200	205	
agc acc gtg gag aag acc gtg gcc ccc acc gag tgc agc				663
Ser Thr Val Glu Lys Thr Val Ala Pro Thr Glu Cys Ser				
	210	215	220	
<210> 459				
<211> 221				
<212> PRT				

<213> Homo sapiens

<400

> 459

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

Ser Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Thr Gly Leu  
 65                    70                    75                    80  
 Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Thr Trp Asp Asp Ser  
                   85                    90                    95  
 Leu Asn Gly Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Pro Gly  
                   100                    105                    110  
 Ala Ala Ala Gly Gln Pro Lys Ala Ala Pro Ser Val Thr Leu Phe Pro  
                   115                    120                    125

Pro Ser Ser Glu Glu Leu Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu  
                   130                    135                    140  
 Ile Ser Asp Phe Tyr Pro Gly Ala Val Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp  
 145                    150                    155                    160  
 Ser Ser Pro Val Lys Ala Gly Val Glu Thr Thr Thr Pro Ser Lys Gln  
                   165                    170                    175  
 Ser Asn Asn Lys Tyr Ala Ala Ser Ser Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu  
                   180                    185                    190

Gln Trp Lys Ser His Arg Ser Tyr Ser Cys Gln Val Thr His Glu Gly  
                   195                    200                    205  
 Ser Thr Val Glu Lys Thr Val Ala Pro Thr Glu Cys Ser  
                   210                    215                    220

<210> 460



<211> 648  
 <212> DNA  
 <213> Homo sapiens  
 <220><221> CDS  
 <222> (1)..(648)  
 <223>  
 <400> 460

cag tct gtg ttg acg cag ccg ccc tcg gtg tca gtg gcc cca gga cag 48  
 Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ala Pro Gly Gln

1 5 10 15  
 acg gcc agg att acc tgt ggg gga tac aac att gga aga aaa agt gtg 96  
 Thr Ala Arg Ile Thr Cys Gly Gly Tyr Asn Ile Gly Arg Lys Ser Val

20 25 30  
 cac tgg tac cag cag aag cca ggc ctg gcc cct gtg ttg gtc gtg tat 144  
 His Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Leu Ala Pro Val Leu Val Val Tyr

35 40 45  
 gat aat agc gac egg ccc tca ggg atc cct gcg cga ttc tct ggc tcc 192  
 Asp Asn Ser Asp Arg Pro Ser Gly Ile Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser

50 55 60  
 aac tct ggg aac acg gcc acc ctg acc atc agc ggg acc cag gct atg 240  
 Asn Ser Gly Asn Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Met

65 70 75 80  
 gat gag gct gac tat tac tgt cag gcg tgg gac aga ggc act gcc gtc 288  
 Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ala Trp Asp Arg Gly Thr Ala Val

85 90 95  
 ttc gga act ggg acc aag gtc acc gtc cta ggt gcg gcc gca ggc cag 336  
 Phe Gly Thr Gly Thr Lys Val Thr Val Leu Gly Ala Ala Ala Gly Gln

100 105 110  
 ccc aag gcc gct ccc agc gtg acc ctg ttc ccc ccc tcc tcc gag gag 384  
 Pro Lys Ala Ala Pro Ser Val Thr Leu Phe Pro Pro Ser Ser Glu Glu

115

120

125

ctg cag gcc aac aag gcc acc ctg gtg tgc ctc atc agc gac ttc tac 432  
 Leu Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ile Ser Asp Phe Tyr  
 130 135 140

cct ggc gcc gtg acc gtg gcc tgg aag gcc gac agc agc ccc gtg aag 480  
 Pro Gly Ala Val Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp Ser Ser Pro Val Lys  
 145 150 155 160

gcc ggc gtg gag acc acc acc ccc agc aag cag agc aac aac aag tac 528  
 Ala Gly Val Glu Thr Thr Thr Pro Ser Lys Gln Ser Asn Asn Lys Tyr  
 165 170 175

gcc gcc agc agc tac ctg agc ctc acc ccc gag cag tgg aag agc cac 576  
 Ala Ala Ser Ser Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu Gln Trp Lys Ser His  
 180 185 190

cgg agc tac agc tgc cag gtg acc cac gag ggc agc acc gtg gag aag 624

Arg Ser Tyr Ser Cys Gln Val Thr His Glu Gly Ser Thr Val Glu Lys  
 195 200 205

acc gtg gcc ccc acc gag tgc agc 648  
 Thr Val Ala Pro Thr Glu Cys Ser  
 210 215

<210> 461  
 <211> 216  
 <212> PRT  
 <213> Homo sapiens  
 <400> 461

Gln Ser Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ala Pro Gly Gln

1 5 10 15  
 Thr Ala Arg Ile Thr Cys Gly Gly Tyr Asn Ile Gly Arg Lys Ser Val  
 20 25 30

His Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Leu Ala Pro Val Leu Val Val Tyr  
 35 40 45

Asp Asn Ser Asp Arg Pro Ser Gly Ile Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser  
 50 55 60

Asn Ser Gly Asn Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Met

65 70 75 80

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

85 90 95

Phe Gly Thr Gly Thr Lys Val Thr Val Leu Gly Ala Ala Ala Gly Gln

100 105 110

Pro Lys Ala Ala Pro Ser Val Thr Leu Phe Pro Pro Ser Ser Glu Glu

115 120 125

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

130 135 140

Pro Gly Ala Val Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp Ser Ser Pro Val Lys

145 150 155 160

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

165 170 175

Ala Ala Ser Ser Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu Gln Trp Lys Ser His

180 185 190

Arg Ser Tyr Ser Cys Gln Val Thr His Glu Gly Ser Thr Val Glu Lys

195 200 205

Thr Val Ala Pro Thr Glu Cys Ser

210 215

<210> 462

<211> 654

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220><221> CDS

<222> (1)..(654)

<223>

<400> 462

cag gct gtg ctg act cag ccg tcc tcg gtg tca gtg gcc cca gga cag 48

Gln Ala Val Leu Thr Gln Pro Ser Ser Val Ser Val Ala Pro Gly Gln

1 5 10 15

acg gcc agg att acc tgt ggg gga aac aac att gga aga aaa agt gtg 96

Thr Ala Arg Ile Thr Cys Gly Gly Asn Asn Ile Gly Arg Lys Ser Val  
 20 25 30

cac tgg tac cag cag aag cca ggc ctg gcc cct gtg ctg gtc gtc aat 144

His Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Leu Ala Pro Val Leu Val Val Asn  
 35 40 45

gat aat agc gac cgg ccc tca ggg atc cct gcg cga ttc tct ggc tcc 192

Asp Asn Ser Asp Arg Pro Ser Gly Ile Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser

50 55 60

aac tct ggg aac acg gcc acc ctg acc atc agc agg gtc gaa gcc ggg 240

Asn Ser Gly Asn Thr Ala Thr Leu Thr Ile Ser Arg Val Glu Ala Gly  
 65 70 75 80

gat gag gcc gac tat tac tgt cac gtg tgg ggt agt agt cgt gac cat 288

Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys His Val Trp Gly Ser Ser Arg Asp His  
 85 90 95

tat gtc ttc gga act ggg acc aag gtc acc gtc cta ggt gcg gcc gca 336

Tyr Val Phe Gly Thr Gly Thr Lys Val Thr Val Leu Gly Ala Ala Ala  
 100 105 110

ggc cag ccc aag gcc gct ccc agc gtg acc ctg ttc ccc ccc tcc tcc 384

Gly Gln Pro Lys Ala Ala Pro Ser Val Thr Leu Phe Pro Pro Ser Ser  
 115 120 125

gag gag ctg cag gcc aac aag gcc acc ctg gtg tgc ctc atc agc gac 432

Glu Glu Leu Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ile Ser Asp  
 130 135 140

ttc tac cct ggc gcc gtg acc gtg gcc tgg aag gcc gac agc agc ccc 480

Phe Tyr Pro Gly Ala Val Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp Ser Ser Pro  
 145 150 155 160

gtg aag gcc ggc gtg gag acc acc acc ccc agc aag cag agc aac aac 528

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





tct ggc tcc aag tct ggc aac acg gcc tcc ctg acc gtc tct ggg etc 240

Ser Gly Ser Lys Ser Gly Asn Thr Ala Ser Leu Thr Val Ser Gly Leu  
 65 70 75 80

cag gct gag gat gag gct gat tat tac tgc agc tca tat gca ggc aac 288

Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ser Ser Tyr Ala Gly Asn  
 85 90 95

aac aat ttg gcg ttc ggc gga ggc acc cag ctg acc gtc ctc ggt gcg 336

Asn Asn Leu Ala Phe Gly Gly Gly Thr Gln Leu Thr Val Leu Gly Ala

100 105 110

gcc gca ggc cag ccc aag gcc gct ccc agc gtg acc ctg ttc ccc ccc 384

Ala Ala Gly Gln Pro Lys Ala Ala Pro Ser Val Thr Leu Phe Pro Pro

115 120 125

tcc tcc gag gag ctg cag gcc aac aag gcc acc ctg gtg tgc ctc atc 432

Ser Ser Glu Glu Leu Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ile

130 135 140

agc gac ttc tac cct ggc gcc gtg acc gtg gcc tgg aag gcc gac agc 480

Ser Asp Phe Tyr Pro Gly Ala Val Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp Ser

145 150 155 160

agc ccc gtg aag gcc ggc gtg gag acc acc acc ccc agc aag cag agc 528

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

165 170 175

aac aac aag tac gcc gcc age age tac ctg agc ctc acc ccc gag cag 576

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

180 185 190

tgg aag agc cac cgg agc tac agc tgc cag gtg acc cac gag ggc agc 624

Trp Lys Ser His Arg Ser Tyr Ser Cys Gln Val Thr His Glu Gly Ser

195 200 205

acc gtg gag aag acc gtg gcc ccc acc gag tgc agc 660

Thr Val Glu Lys Thr Val Ala Pro Thr Glu Cys Ser





Thr Val Glu Lys Thr Val Ala Pro Thr Glu Cys Ser  
 210 215 220  
 <210> 466  
 <211> 654  
 <212> DNA  
 <213> Homo sapiens  
 <220><221> CDS  
 <222> (1)..(654)  
 <223>  
 <400> 466  
 tct tct gag ctg act cag gac cct gct gag tct gtg gcc ttg gga cag 48  
  
 Ser Ser Glu Leu Thr Gln Asp Pro Ala Glu Ser Val Ala Leu Gly Gln  
 1 5 10 15  
 aca gtc aag atc aca tgc caa gga gac agt ctc aga agg tat tat gca 96  
 Thr Val Lys Ile Thr Cys Gln Gly Asp Ser Leu Arg Arg Tyr Tyr Ala  
 20 25 30  
 agt tgg tac cag cag aag cca gga cag gcc cct gtt ctt gtc atc tat 144  
 Ser Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Val Leu Val Ile Tyr  
 35 40 45  
 ggc aaa aac aac cgg ccc tca ggg atc cca gac cga ttc tct ggc tcc 192  
 Gly Lys Asn Asn Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser  
 50 55 60  
 agg tca gga aac aca gct tcc ttg acc ata act ggg gct cag gcg gaa 240  
 Arg Ser Gly Asn Thr Ala Ser Leu Thr Ile Thr Gly Ala Gln Ala Glu  
 65 70 75 80  
 gat gag gct gtc tat tac tgt aac tcc cgg gac agc agt ggt aac tct 288  
 Asp Glu Ala Val Tyr Tyr Cys Asn Ser Arg Asp Ser Ser Gly Asn Ser  
 85 90 95  
 gtg gtc ttc ggc gga ggg acc aag ctg acc gtc cta ggt gcg gcc gca 336  
 Val Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Ala Ala Ala  
 100 105 110

ggc cag ccc aag gcc gct ccc agc gtg acc ctg ttc ccc ccc tcc tcc 384

Gly Gln Pro Lys Ala Ala Pro Ser Val Thr Leu Phe Pro Pro Ser Ser  
 115 120 125

gag gag ctg cag gcc aac aag gcc acc ctg gtg tgc ctc atc agc gac 432  
 Glu Glu Leu Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ile Ser Asp  
 130 135 140

ttc tac cct ggc gcc gtg acc gtg gcc tgg aag gcc gac agc agc ccc 480  
 Phe Tyr Pro Gly Ala Val Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp Ser Ser Pro

145 150 155 160

gtg aag gcc ggc gtg gag acc acc acc ccc agc aag cag agc aac aac 528  
 Val Lys Ala Gly Val Glu Thr Thr Thr Pro Ser Lys Gln Ser Asn Asn  
 165 170 175

aag tac gcc gcc agc agc tac ctg agc ctc acc ccc gag cag tgg aag 576  
 Lys Tyr Ala Ala Ser Ser Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu Gln Trp Lys  
 180 185 190

agc cac cgg agc tac agc tgc cag gtg acc cac gag ggc agc acc gtg 624  
 Ser His Arg Ser Tyr Ser Cys Gln Val Thr His Glu Gly Ser Thr Val  
 195 200 205

gag aag acc gtg gcc ccc acc gag tgc agc 654  
 Glu Lys Thr Val Ala Pro Thr Glu Cys Ser  
 210 215

<210> 467  
 <211> 218  
 <212> PRT  
 <213> Homo sapiens  
 <400  
 > 467

Ser Ser Glu Leu Thr Gln Asp Pro Ala Glu Ser Val Ala Leu Gly Gln  
 1 5 10 15  
 Thr Val Lys Ile Thr Cys Gln Gly Asp Ser Leu Arg Arg Tyr Tyr Ala  
 20 25 30  
 Ser Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Val Leu Val Ile Tyr

35 40 45  
 Gly Lys Asn Asn Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser  
 50 55 60

Arg Ser Gly Asn Thr Ala Ser Leu Thr Ile Thr Gly Ala Gln Ala Glu  
 65 70 75 80  
 Asp Glu Ala Val Tyr Tyr Cys Asn Ser Arg Asp Ser Ser Gly Asn Ser  
 85 90 95  
 Val Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Ala Ala Ala  
 100 105 110  
 Gly Gln Pro Lys Ala Ala Pro Ser Val Thr Leu Phe Pro Pro Ser Ser  
 115 120 125

Glu Glu Leu Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ile Ser Asp  
 130 135 140  
 Phe Tyr Pro Gly Ala Val Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp Ser Ser Pro  
 145 150 155 160  
 Val Lys Ala Gly Val Glu Thr Thr Thr Pro Ser Lys Gln Ser Asn Asn  
 165 170 175  
 Lys Tyr Ala Ala Ser Ser Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu Gln Trp Lys  
 180 185 190

Ser His Arg Ser Tyr Ser Cys Gln Val Thr His Glu Gly Ser Thr Val  
 195 200 205  
 Glu Lys Thr Val Ala Pro Thr Glu Cys Ser  
 210 215

<210> 468

<211> 642

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220><221> CDS

<222> (1)..(642)

<223>

<400> 468

gaa att gtg ttg aca cag tct cca ggc acc ctg tct ttg tct cca ggg

Glu Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Gly Thr Leu Ser Leu Ser Pro Gly  
 1                    5                    10                    15

gaa aga gcc acc ctc tcc tgc agg gcc agt cag agt gtt agc agc agc            96

Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser Gln Ser Val Ser Ser Ser  
                   20                    25                    30

tac tta gcc tgg tac cag cag aaa cct ggc cag gct ccc agg ctc ctc            144

Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu  
                   35                    40                    45

atc tat ggt gca tcc agc agg gcc act ggc atc cca gac agg ttc agt            192

Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser  
                   50                    55                    60

ggc agt ggg tct ggg aca gac ttc act ctc acc atc agc aga ctg gag            240

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu  
 65                    70                    75                    80

cct gaa gat ttt gca gtg tat tac tgt cag caa tat ggt agg tca cct            288

Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Gly Arg Ser Pro

                  85                    90                    95

ctc act ttc ggc gga ggg acc aag gtg gag atc aaa cgt gcg gcc gca            336

Leu Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg Ala Ala Ala

                  100                    105                    110

ccc agc gtg ttc atc ttc ccc ccc tcc gac gag cag ctg aag agc ggc            384

Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly

                  115                    120                    125

acc gcc agc gtg gtg tgc ctg ctg aac aac ttc tac ccc cgg gag gcc            432

Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala

                  130                    135                    140

aag gtg cag tgg aag gtg gac aac gcc ctg cag agc ggc aac agc cag            480

Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln

145                    150                    155                    160

gag agc gtg acc gag cag gac agc aag gac tcc acc tac agc ctg agc 528

Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser  
 165 170 175

agc acc ctc acc ctg agc aag gcc gac tac gag aag cac aag gtg tac 576

Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr  
 180 185 190

gcc tgc gag gtg acc cac cag ggc ctg agc agc ccc gtg acc aag agc 624

Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser  
 195 200 205

ttc aac cgg ggc gag tgt 642

Phe Asn Arg Gly Glu Cys  
 210

<210> 469  
 <211> 214  
 <212> PRT  
 <213> Homo sapiens  
 <400> 469

Glu Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Gly Thr Leu Ser Leu Ser Pro Gly  
 1 5 10 15

Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser Gln Ser Val Ser Ser Ser  
 20 25 30

Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu  
 35 40 45

Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser  
 50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu  
 65 70 75 80

Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Gly Arg Ser Pro  
 85 90 95

Leu Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg Ala Ala Ala  
 100 105 110

Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly  
 115 120 125  
 Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala  
 130 135 140  
 Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln  
 145 150 155 160  
 Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser  
 165 170 175  
 Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr  
 180 185 190  
 Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser  
 195 200 205  
 Phe Asn Arg Gly Glu Cys  
 210

<210> 470

<211> 666

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220><221> CDS

<222> (1)..(666)

<223>

<400> 470

cag tct gcc ctg act cag cct cgc tca gtg tcc ggg tct cct gga cag 48  
 Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Arg Ser Val Ser Gly Ser Pro Gly Gln  
 1 5 10 15  
 tca gtc acc atc tcc tgc act gga acc agc agt gat gtt ggt ggt tat 96  
 Ser Val Thr Ile Ser Cys Thr Gly Thr Ser Ser Asp Val Gly Gly Tyr  
 20 25 30  
 aac tat gtc tcc tgg tac caa caa cac cca ggc aaa gcc ccc aaa ctc 144  
 Asn Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln His Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu  
 35 40 45  
 atg att tat gat gtc agt aat cgg ccc tca ggg gtt tct aat cgc ttc 192

Met Ile Tyr Asp Val Ser Asn Arg Pro Ser Gly Val Ser Asn Arg Phe  
 50 55 60  
 tct ggc tcc aag tct ggc aac acg gcc tcc ctg acc atc tct ggg ctc 240

Ser Gly Ser Lys Ser Gly Asn Thr Ala Ser Leu Thr Ile Ser Gly Leu  
 65 70 75 80  
 cag gct gag gac gag gct gag ttt cac tgc agc tca tac aga agc agc 288

Gln Ala Glu Asp Glu Ala Glu Phe His Cys Ser Ser Tyr Arg Ser Ser  
 85 90 95  
 ggc gct tcc cct gtg gtt ttc ggc gga ggg acc aag ctg acc gtc cta 336

Gly Ala Ser Pro Val Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu  
 100 105 110  
 ggt gcg gcc gca ggc cag ccc aag gcc gct ccc agc gtg acc ctg ttc 384

Gly Ala Ala Ala Gly Gln Pro Lys Ala Ala Pro Ser Val Thr Leu Phe  
 115 120 125  
 ccc ccc tcc tcc gag gag ctg cag gcc aac aag gcc acc ctg gtg tgc 432

Pro Pro Ser Ser Glu Glu Leu Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys  
 130 135 140  
 ctc atc agc gac ttc tac cct ggc gcc gtg acc gtg gcc tgg aag gcc 480

Leu Ile Ser Asp Phe Tyr Pro Gly Ala Val Thr Val Ala Trp Lys Ala  
 145 150 155 160  
 gac agc agc ccc gtg aag gcc ggc gtg gag acc acc acc ccc agc aag 528

Asp Ser Ser Pro Val Lys Ala Gly Val Glu Thr Thr Thr Pro Ser Lys  
 165 170 175  
 cag agc aac aac aag tac gcc gcc agc agc tac ctg agc ctc acc ccc 576

Gln Ser Asn Asn Lys Tyr Ala Ala Ser Ser Tyr Leu Ser Leu Thr Pro  
 180 185 190  
 gag cag tgg aag agc cac cgg agc tac agc tgc cag gtg acc cac gag 624

Glu Gln Trp Lys Ser His Arg Ser Tyr Ser Cys Gln Val Thr His Glu  
 195 200 205  
 ggc agc acc gtg gag aag acc gtg gcc ccc acc gag tgc agc 666

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

210 215 220

<210> 471

<211> 222

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 471

Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Arg Ser Val Ser Gly Ser Pro Gly Gln

1 5 10 15

Ser Val Thr Ile Ser Cys Thr Gly Thr Ser Ser Asp Val Gly Gly Tyr

20 25 30

Asn Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln His Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu

35 40 45

Met Ile Tyr Asp Val Ser Asn Arg Pro Ser Gly Val Ser Asn Arg Phe

50 55 60

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

65 70 75 80

Gln Ala Glu Asp Glu Ala Glu Phe His Cys Ser Ser Tyr Arg Ser Ser

85 90 95

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

100 105 110

Gly Ala Ala Ala Gly Gln Pro Lys Ala Ala Pro Ser Val Thr Leu Phe

115 120 125

Pro Pro Ser Ser Glu Glu Leu Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys

130 135 140

Leu Ile Ser Asp Phe Tyr Pro Gly Ala Val Thr Val Ala Trp Lys Ala

145 150 155 160

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

165 170 175

Gln Ser Asn Asn Lys Tyr Ala Ala Ser Ser Tyr Leu Ser Leu Thr Pro

180 185 190



Glu Gln Trp Lys Ser His Arg Ser Tyr Ser Cys Gln Val Thr His Glu  
 195 200 205

Gly Ser Thr Val Glu Lys Thr Val Ala Pro Thr Glu Cys Ser  
 210 215 220

<210> 472  
 <211> 663  
 <212> DNA  
 <213> Homo sapiens  
 <220><221> CDS  
 <222> (1)..(663)  
 <223>  
 <400> 472

cag tct gcc ctg act cag cct ccc tcc gcg tcc ggg tct cct gga cag 48

Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Ser Gly Ser Pro Gly Gln  
 1 5 10 15

tca gtc acc atc tcc tgc act gga acc agc agt gac att ggt ggt tat 96

Ser Val Thr Ile Ser Cys Thr Gly Thr Ser Ser Asp Ile Gly Gly Tyr  
 20 25 30

aac tat gtc tcc tgg tac caa cag cac cca ggc aaa gcc ccc aaa ctc 144

Asn Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln His Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu  
 35 40 45

atg att tat gag gtc agt aat cgg ccc cca ggg gtt tct aat cgc ttc 192

Met Ile Tyr Glu Val Ser Asn Arg Pro Pro Gly Val Ser Asn Arg Phe  
 50 55 60

tct ggc tcc aag tct ggc aac acg gcc tcc ctg acc atc tct ggg ctc 240

Ser Gly Ser Lys Ser Gly Asn Thr Ala Ser Leu Thr Ile Ser Gly Leu  
 65 70 75 80

cag gct gag gac gag gct gat tat tac tgc agc tca tac tca acc acc 288

Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ser Ser Tyr Ser Thr Thr  
 85 90 95

acc acc cga gtg ata ttc ggc gga ggg acc aag ctg acc gtc cta ggt 336

Thr Thr Arg Val Ile Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly

100 105 110  
 gcg gcc gca ggc cag ccc aag gcc gct ccc agc gtg acc ctg ttc ccc 384

Ala Ala Ala Gly Gln Pro Lys Ala Ala Pro Ser Val Thr Leu Phe Pro  
 115 120 125  
 ccc tcc tcc gag gag ctg cag gcc aac aag gcc acc ctg gtg tgc ctc 432

Pro Ser Ser Glu Glu Leu Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu  
 130 135 140  
 atc agc gac ttc tac cct ggc gcc gtg acc gtg gcc tgg aag gcc gac 480  
 Ile Ser Asp Phe Tyr Pro Gly Ala Val Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp

145 150 155 160  
 agc agc ccc gtg aag gcc ggc gtg gag acc acc acc ccc agc aag cag 528  
 Ser Ser Pro Val Lys Ala Gly Val Glu Thr Thr Thr Pro Ser Lys Gln

165 170 175  
 agc aac aac aag tac gcc gcc agc agc tac ctg agc ctc acc ccc gag 576  
 Ser Asn Asn Lys Tyr Ala Ala Ser Ser Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu

180 185 190  
 cag tgg aag agc cac cgg agc tac agc tgc cag gtg acc cac gag ggc 624  
 Gln Trp Lys Ser His Arg Ser Tyr Ser Cys Gln Val Thr His Glu Gly

195 200 205  
 agc acc gtg gag aag acc gtg gcc ccc acc gag tgc agc 663  
 Ser Thr Val Glu Lys Thr Val Ala Pro Thr Glu Cys Ser

210 215 220  
 <210> 473  
 <211> 221  
 <212> PRT  
 <213> Homo sapiens  
 <400

> 473  
 Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Ser Gly Ser Pro Gly Gln  
 1 5 10 15  
 Ser Val Thr Ile Ser Cys Thr Gly Thr Ser Ser Asp Ile Gly Gly Tyr

20 25 30

Asn Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln His Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu  
 35 40 45  
 Met Ile Tyr Glu Val Ser Asn Arg Pro Pro Gly Val Ser Asn Arg Phe  
 50 55 60  
  
 Ser Gly Ser Lys Ser Gly Asn Thr Ala Ser Leu Thr Ile Ser Gly Leu  
 65 70 75 80  
 Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ser Ser Tyr Ser Thr Thr  
 85 90 95  
 Thr Thr Arg Val Ile Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly  
 100 105 110  
 Ala Ala Ala Gly Gln Pro Lys Ala Ala Pro Ser Val Thr Leu Phe Pro  
 115 120 125  
  
 Pro Ser Ser Glu Glu Leu Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu  
 130 135 140  
 Ile Ser Asp Phe Tyr Pro Gly Ala Val Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp  
 145 150 155 160  
 Ser Ser Pro Val Lys Ala Gly Val Glu Thr Thr Thr Pro Ser Lys Gln  
 165 170 175  
 Ser Asn Asn Lys Tyr Ala Ala Ser Ser Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu  
 180 185 190  
  
 Gln Trp Lys Ser His Arg Ser Tyr Ser Cys Gln Val Thr His Glu Gly  
 195 200 205  
 Ser Thr Val Glu Lys Thr Val Ala Pro Thr Glu Cys Ser  
 210 215 220  
 <210> 474  
 <211> 660  
 <212> DNA  
 <213> Homo sapiens  
 <220><221> CDS  
 <222> (1)..(660)  
 <223>  
 <400> 474

cag tct gcc ctg act cag cct ccc tcc gcg tcc ggg tct cct gga cag 48  
 Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Ser Gly Ser Pro Gly Gln

1 5 10 15  
 tca gtc acc atc tcc tgc act gga acc agc agt gac gtt ggt ggt tat 96  
 Ser Val Thr Ile Ser Cys Thr Gly Thr Ser Ser Asp Val Gly Gly Tyr

20 25 30  
 aac tat gtc tcc tgg tac caa caa ctg cca ggg aaa gcc ccc aaa cta 144  
 Asn Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu

35 40 45  
 ttg att tat gat gtc aat aat cgg ccg tct ggg gtc tct aat cgc ttc 192  
 Leu Ile Tyr Asp Val Asn Asn Arg Pro Ser Gly Val Ser Asn Arg Phe

50 55 60  
 tct ggc tcc aag tcg gga aac acg gcc tcc ctg acc atc tct ggg ctc 240  
 Ser Gly Ser Lys Ser Gly Asn Thr Ala Ser Leu Thr Ile Ser Gly Leu

65 70 75 80  
 cag gct gag gac gag gct gag tat tac tgc ggc tca agt gta ggc agc 288

Gln Ala Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Gly Ser Ser Val Gly Ser  
 85 90 95  
 aga cta agg att ttc ggc gga ggg acc aag ctg acc gtc cta ggt gcg 336  
 Arg Leu Arg Ile Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Ala

100 105 110  
 gcc gca ggc cag ccc aag gcc gct ccc agc gtg acc ctg ttc ccc ccc 384  
 Ala Ala Gly Gln Pro Lys Ala Ala Pro Ser Val Thr Leu Phe Pro Pro

115 120 125  
 tcc tcc gag gag ctg cag gcc aac aag gcc acc ctg gtg tgc ctc atc 432  
 Ser Ser Glu Glu Leu Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ile

130 135 140  
 agc gac ttc tac cct ggc gcc gtg acc gtg gcc tgg aag gcc gac agc 480  
 Ser Asp Phe Tyr Pro Gly Ala Val Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp Ser

145                      150                      155                      160

agc ccc gtg aag gcc ggc gtg gag acc acc acc ccc agc aag cag agc                      528

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

                                 165                      170                      175

aac aac aag tac gcc gcc agc agc tac ctg agc ctc acc ccc gag cag                      576

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

                                 180                      185                      190

tgg aag agc cac cgg agc tac agc tgc cag gtg acc cac gag ggc agc                      624

Trp Lys Ser His Arg Ser Tyr Ser Cys Gln Val Thr His Glu Gly Ser

                                 195                      200                      205

acc gtg gag aag acc gtg gcc ccc acc gag tgc agc                      660

Thr Val Glu Lys Thr Val Ala Pro Thr Glu Cys Ser

                                 210                      215                      220

<210> 475

<211> 220

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 475

Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Ser Gly Ser Pro Gly Gln

1                      5                      10                      15

Ser Val Thr Ile Ser Cys Thr Gly Thr Ser Ser Asp Val Gly Gly Tyr

                                 20                      25                      30

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

                                 35                      40                      45

Leu Ile Tyr Asp Val Asn Asn Arg Pro Ser Gly Val Ser Asn Arg Phe

                                 50                      55                      60

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

65                      70                      75                      80

Gln Ala Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Gly Ser Ser Val Gly Ser

                                 85                      90                      95

Arg Leu Arg Ile Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Ala

100 105 110  
 Ala Ala Gly Gln Pro Lys Ala Ala Pro Ser Val Thr Leu Phe Pro Pro  
 115 120 125  
 Ser Ser Glu Glu Leu Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ile  
 130 135 140  
 Ser Asp Phe Tyr Pro Gly Ala Val Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp Ser  
 145 150 155 160  
 Ser Pro Val Lys Ala Gly Val Glu Thr Thr Thr Pro Ser Lys Gln Ser  
 165 170 175  
 Asn Asn Lys Tyr Ala Ala Ser Ser Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu Gln  
 180 185 190  
 Trp Lys Ser His Arg Ser Tyr Ser Cys Gln Val Thr His Glu Gly Ser

195 200 205  
 Thr Val Glu Lys Thr Val Ala Pro Thr Glu Cys Ser  
 210 215 220

<210> 476  
 <211> 660  
 <212> DNA  
 <213> Homo sapiens  
 <220><221> CDS  
 <222> (1)..(660)  
 <223>  
 <400> 476

cag tct gcc ctg act cag cct ccc tcc gcg tcc ggg tct cct gga cag 48  
 Gln Ser Ala Leu Thr Gln Pro Pro Ser Ala Ser Gly Ser Pro Gly Gln  
 1 5 10 15

tca gtc acc atc tcc tgc act gga acc agc act gac gtt ggt ggt tat 96  
 Ser Val Thr Ile Ser Cys Thr Gly Thr Ser Thr Asp Val Gly Gly Tyr  
 20 25 30

aac tat gtc tcc tgg tac caa cat cac cca ggc aaa gcc ccc aaa etc 144  
 Asn Tyr Val Ser Trp Tyr Gln His His Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu  
 35 40 45

gtg att tat ggg gtc agt aag cgg ccc tca agg gtc cct gat cgc ttc 192

Val Ile Tyr Gly Val Ser Lys Arg Pro Ser Arg Val Pro Asp Arg Phe  
 50 55 60

tct ggc tcc aag tct ggc aac acg gcc tcc ctg acc gtc tct ggg ctc 240

Ser Gly Ser Lys Ser Gly Asn Thr Ala Ser Leu Thr Val Ser Gly Leu  
 65 70 75 80

cag gct gag gat gag gct gat tat tac tgc agc tca tat gca ggc agc 288

Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ser Ser Tyr Ala Gly Ser  
 85 90 95

aac aat ttg gtg ttc ggc gga ggg acc aag ctg acc gtc cta ggt gcg 336

Asn Asn Leu Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Ala  
 100 105 110

gcc gca ggc cag ccc aag gcc gct ccc agc gtg acc ctg ttc ccc ccc 384

Ala Ala Gly Gln Pro Lys Ala Ala Pro Ser Val Thr Leu Phe Pro Pro  
 115 120 125

tcc tcc gag gag ctg cag gcc aac aag gcc acc ctg gtg tgc ctc atc 432

Ser Ser Glu Glu Leu Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ile  
 130 135 140

agc gac ttc tac cct ggc gcc gtg acc gtg gcc tgg aag gcc gac agc 480

Ser Asp Phe Tyr Pro Gly Ala Val Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp Ser  
 145 150 155 160

agc ccc gtg aag gcc ggc gtg gag acc acc acc ccc agc aag cag agc 528

Ser Pro Val Lys Ala Gly Val Glu Thr Thr Thr Pro Ser Lys Gln Ser  
 165 170 175

aac aac aag tac gcc gcc agc agc tac ctg agc ctc acc ccc gag cag 576

Asn Asn Lys Tyr Ala Ala Ser Ser Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu Gln  
 180 185 190

tgg aag agc cac cgg agc tac agc tgc cag gtg acc cac gag ggc agc 624

Trp Lys Ser His Arg Ser Tyr Ser Cys Gln Val Thr His Glu Gly Ser







cta caa act cct ctc act ttc ggc gga ggg acc aag gtg gaa atc aaa 336

Leu Gln Thr Pro Leu Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys  
 100 105 110

cgt gcg gcc gca ccc agc gtg ttc atc ttc ccc ccc tcc gac gag cag 384  
 Arg Ala Ala Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln  
 115 120 125

ctg aag agc ggc acc gcc agc gtg gtg tgc ctg ctg aac aac ttc tac 432  
 Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr  
 130 135 140

ccc cgg gag gcc aag gtg cag tgg aag gtg gac aac gcc ctg cag agc 480  
 Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser  
 145 150 155 160

ggc aac agc cag gag agc gtg acc gag cag gac agc aag gac tcc acc 528  
 Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr  
 165 170 175

tac agc ctg agc agc acc ctc acc ctg agc aag gcc gac tac gag aag 576  
 Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys  
 180 185 190

cac aag gtg tac gcc tgc gag gtg acc cac cag ggc ctg agc agc ccc 624  
 His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro  
 195 200 205

gtg acc aag agc ttc aac cgg ggc gag tgt 654

Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys  
 210 215

<210> 479

<211> 218

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 479

Asp Val Val Met Thr Gln Ser Pro Leu Ser Leu Pro Val Thr Pro Gly  
 1 5 10 15

Glu Pro Ala Ser Ile Ser Cys Arg Ser Ser Gln Ser Leu Arg His Arg  
                   20                                  25                                  30  
 Asn Gly Asn Asn Tyr Leu Asp Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser  
                   35                                  40                                  45  
 Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Leu Gly Ser Asn Arg Ala Ser Gly Val Pro  
                   50                                  55                                  60  
 Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile  
 65                                  70                                  75                                  80  
 Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Ile Tyr Tyr Cys Met Gln Ala  
                                   85                                  90                                  95  
 Leu Gln Thr Pro Leu Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys  
                   100                                  105                                  110  
 Arg Ala Ala Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln  
                   115                                  120                                  125  
 Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr  
                   130                                  135                                  140  
 Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser  
 145                                  150                                  155                                  160  
 Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr  
                   165                                  170                                  175  
 Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys  
                   180                                  185                                  190  
 His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro  
                   195                                  200                                  205  
 Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys  
                   210                                  215  
 <210> 480  
 <211> 660  
 <212> DNA  
 <213> Homo sapiens  
 <220><221> CDS

<222> (1)..(660)

<223>

<400> 480

cag tct gtc gtg acg cag ccg ccc tca gtg tct ggg gcc cca ggg cag 48

Gln Ser Val Val Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Gly Ala Pro Gly Gln

1 5 10 15

agg gtc acc atc tcc tgc act ggg agc agc tcc aac atc ggg gca ggt 96

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

20 25 30

tat gat gta cac tgg tac cag cag ctt cca gga aca gcc ccc aaa ctc 144

Tyr Asp Val His Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu

35 40 45

ctc atc tat ggt aac agc aat cgg ccc tca ggg gtc cct gac cga ttc 192

Leu Ile Tyr Gly Asn Ser Asn Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe

50 55 60

tct ggc tcc aaa tct ggc acc tca gcc tcc ctg gcc atc act ggg ctc 240

Ser Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Thr Gly Leu

65 70 75 80

cag gct gag gat gag gct gat tat tac tgc cag tcc tct gac agc agc 288

Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ser Ser Asp Ser Ser

85 90 95

ctg aat att ttg ttc ggc gga ggg acc aag ctg acc gtc cta ggt gcg 336

Leu Asn Ile Leu Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Ala

100 105 110

gcc gca ggc cag ccc aag gcc gct ccc agc gtg acc ctg ttc ccc ccc 384

Ala Ala Gly Gln Pro Lys Ala Ala Pro Ser Val Thr Leu Phe Pro Pro

115 120 125

tcc tcc gag gag ctg cag gcc aac aag gcc acc ctg gtg tgc ctc atc 432

Ser Ser Glu Glu Leu Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ile

130 135 140

agc gac ttc tac cct ggc gcc gtg acc gtg gcc tgg aag gcc gac agc 480

Ser Asp Phe Tyr Pro Gly Ala Val Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp Ser  
 145 150 155 160

agc ccc gtg aag gcc ggc gtg gag acc acc acc ccc agc aag cag agc 528

Ser Pro Val Lys Ala Gly Val Glu Thr Thr Thr Pro Ser Lys Gln Ser  
 165 170 175

aac aac aag tac gcc gcc agc agc tac ctg agc ctc acc ccc gag cag 576

Asn Asn Lys Tyr Ala Ala Ser Ser Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu Gln  
 180 185 190

tgg aag agc cac cgg agc tac agc tgc cag gtg acc cac gag ggc agc 624

Trp Lys Ser His Arg Ser Tyr Ser Cys Gln Val Thr His Glu Gly Ser  
 195 200 205

acc gtg gag aag acc gtg gcc ccc acc gag tgc agc 660

Thr Val Glu Lys Thr Val Ala Pro Thr Glu Cys Ser  
 210 215 220

<210> 481  
 <211> 220  
 <212> PRT  
 <213> Homo sapiens  
 <400> 481

Gln Ser Val Val Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Gly Ala Pro Gly Gln  
 1 5 10 15

Arg Val Thr Ile Ser Cys Thr Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gly Ala Gly  
 20 25 30

Tyr Asp Val His Trp Tyr Gln Gln Leu Pro Gly Thr Ala Pro Lys Leu  
 35 40 45

Leu Ile Tyr Gly Asn Ser Asn Arg Pro Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe  
 50 55 60

Ser Gly Ser Lys Ser Gly Thr Ser Ala Ser Leu Ala Ile Thr Gly Leu  
 65 70 75 80

Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Ser Ser Asp Ser Ser

