(12) BẢN MÔ TẢ SÁNG CHẾ THUỘC BẰNG ĐỘC QUYỀN SÁNG CHẾ

(19) **Cộng hòa xã hội chủ nghĩa Việt Nam (VN)**
CỤC SỞ HỮU TRÍ TUỆ

(11) **1-0036320**

(51)[7] **C12N 9/10**; C12P 19/12

(13) **B**

(21) 1-2019-03221
(22) 28/11/2017
(86) PCT/EP2017/080650 28/11/2017
(87) WO 2018/096169 31/05/2018
(30) 16002528.4 28/11/2016 EP
(45) 25/07/2023 424
(43) 25/11/2019 380A
(73) 1. C-LECTA GMBH (DE)
Perlickstr. 5, 04103 Leipzig, Germany
2. NEW MATTERHORN, LLC (US)
251 Little Falls Drive, Wilmington, DE, 19808, United States of America
(72) Birgit BRUCHER (DE); Andreas VOGEL (DE).
(74) Công ty cổ phần tư vấn Trung Thực (TRUNG THUC.,JSC)

(54) TREHALOZA PHOSPHORYLAZA, PHƯƠNG PHÁP ĐIỀU CHẾ TREHALOZA VÀ PHƯƠNG PHÁP LÀM TĂNG MỨC ĐỘ ỔN ĐỊNH NHIỆT CỦA TREHALOZA PHOSPHORYLAZA

(57) Sáng chế liên quan đến trehaloza phosphorylaza có trình tự axit amin, trong đó trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza có mức độ đồng nhất ít nhất là 80% với và/hoặc có mức độ tương đồng ít nhất là 80% với trình tự axit amin của SEQ ID NO:1, trong đó trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza chứa thay thế axit amin ở một hoặc nhiều vị trí axit amin, trong đó một hoặc nhiều vị trí axit amin được chọn từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin 712, 383, 10, 114, 118, 192, 197, 220, 225, 304, 306, 318, 323, 339, 349, 357, 459, 476, 481, 484, 487, 488, 506, 511, 526, 530, 532, 533, 537, 550, 556, 564, 590, 649, 667, 703 và 705 của SEQ ID NO: 1.

Lĩnh vực kỹ thuật được đề cập

Sáng chế liên quan đến phosphorylaza, phương pháp cho glucosyl monosacarit và alpha-D-glucoza 1-phosphat phản ứng, phương pháp chuyển hóa glucoza và alpha-D-glucoza 1-phosphat thành trehaloza và phosphat vô cơ, và sử dụng phosphorylaza để tạo ra trehaloza.

Tình trạng kỹ thuật của sáng chế

Phosphorylaza là các enzym mà xúc tác quá trình bổ sung nhóm phosphat từ phosphat vô cơ vào phân tử nhận. Phosphorylaza mà xúc tác sự phân cắt phân giải phospho thuận nghịch đối với trehaloza là đã biết trong lĩnh vực kỹ thuật này và gọi là các trehaloza phosphorylaza. Các trehaloza phosphorylaza có thể được phân biệt dựa trên cơ chế cơ bản của phản ứng mà chúng xúc tác.

Nhóm thứ nhất bao gồm các trehaloza phosphorylaza xúc tác sự phân cắt phân giải phospho đối với trehaloza mà thực sự giữ lại cấu hình anome bằng cách sử dụng phosphat vô cơ làm thể nhận glucosyl thành glucoza và alpha-D-glucoza 1-phosphat (aG1P) và do đó được phân loại là các phosphorylaza duy trì. Các trehaloza phosphorylaza thuộc nhóm thứ nhất này được phân loại theo chỉ số EC của Hiệp hội Quốc tế về Sinh hóa và Sinh học phân tử là EC 2.4.1.231 và được xác định đặc điểm về mặt chức năng từ các loại nấm mốc có nhân chuẩn.

Nhóm thứ hai bao gồm các trehaloza phosphorylaza mà nghịch chuyển các trehaloza phosphorylaza thành loại có chỉ số phân loại theo hệ EC là EC 2.4.1.64 và xúc tác quá trình phân cắt phân giải phospho đối với trehaloza bằng cách đảo ngược cấu hình thành glucoza và beta-D-glucoza 1-phosphat. Do đó, các phosphorylaza này có cơ chế phản ứng khác với các trehaloza phosphorylaza EC 2.4.1.231.

Đặc biệt, sáng chế đề cập đến một số phosphorylaza nhất định có chỉ số phân loại theo hệ EC là EC 2.4.1.231, mà có khả năng chuyển hóa, trong số các phản ứng khác,

glucoza và alpha-D-glucoza-1 phosphat ("aG1P") thành trehaloza, hoặc phân cắt phân giải phospho đối với trehaloza thành glucoza và aG1P với sự có mặt của phosphat vô cơ.

Ứng dụng công nghiệp của các trehaloza phosphorylaza xuất phát từ thực tế là phản ứng cơ bản xác định tính chất sinh hóa của chúng, tức là xúc tác quá trình phân cắt phân giải phospho đối với trehaloza, là thuận nghịch. Do đó, các trehaloza phosporylaza là đặc biệt hữu ích để xúc tác sự chuyển hóa glucoza và aG1P thành trehaloza và phosphat vô cơ.

Phản ứng mà được xúc tác bởi các trehaloza phosphorylaza là thuận nghịch (phản ứng cân bằng) và có thể trải qua hiện tượng ức chế cơ chất hoặc sản phẩm, tùy theo hướng cụ thể của phản ứng. Để thu được lượng có liên quan về mặt công nghiệp của sản phẩm mong muốn, cần có các trehaloza phosphorylaza mà xúc tác bước chuyển hóa các cơ chất với hoạt tính đặc hiệu cao. Ngoài ra, các yếu tố động lực học khác của các trehaloza phosphorylaza, như mức độ chọn lọc đối với cơ chất và K_M có thể đóng vai trò quan trọng đối với sản lượng của sản phẩm. Các khía cạnh liên quan khác có thể bao gồm, nhưng không chỉ giới hạn ở, tính chọn lọc đồng phân vùng, ức chế bởi các yếu tố khác (ví dụ, các thành phần chiết thô, các thành phần tạp nhiễm cơ chất hoặc các sản phẩm phụ), và sự biểu hiện tái tổ hợp hòa tan ở các vật chủ thích hợp.

Thiếu sót chính của các trehaloza phosphorylaza loại thường là hiện tượng mất hoạt tính enzym nhanh trong dung dịch ngay cả ở nhiệt độ vừa phải nằm trong khoảng từ 25°C đến 40°C, mà hạn chế đáng kể ứng dụng của chúng. Đối với các ứng dụng công nghiệp, mức độ ổn định cao trong vài ngày ở nhiệt độ trên 30°C, hoặc thậm chí tốt hơn trên 40°C là điều mong muốn. Thời gian phản ứng dài với các enzym không bền nhiệt đòi hỏi lượng enzym nhiều hơn trong thời gian xử lý, thường được nhận ra bằng cách bổ sung lặp lại enzym trong suốt quy trình này. Ví dụ, trehaloza phosphorylaza từ *Pleurotus ostreatus* thể hiện thời gian bán tồn khoảng 1,3 giờ ở nhiệt độ 25°C và 3 phút ở nhiệt độ khoảng 41°C (Schwarz *et al.*, *J Biotechnol* 129, 140-150 (2007), Han *et al.*, *Protein expression and purification* 30, 194-202 (2003)). Các trehaloza phosphorylaza từ *Schizophyllum commune* và *Grifola frondosa* là ổn định hơn một chút với thời gian bán tồn lần lượt là 4,8 giờ ở nhiệt độ 30°C và 1 giờ ở nhiệt độ 37°C (Schwarz *et al.*, *J Biotechnol* 129, 140-150 (2007)).

Các chiến lược khác nhau được áp dụng trong lĩnh vực kỹ thuật này nhằm xử lý các thiếu sót này. Ví dụ, việc bổ sung trehaloza, glyxerol và polyetylen glycol (PEG) được thấy có tác dụng nâng cao mức độ ổn định của các trehaloza phosphorylaza (Klimacek *et al., Biotechnology Techniques* 13: 243-248, 1999, Eis *et al.*, *Biochem J* 341, 385-393 (1999), Schwarz *et al. J Biotechnol* 129, 140-150 (2007)). Mức độ ổn định tốt nhất đạt được bằng cách bổ sung 20% PEG 4000 vào, mà khiến cho thời gian bán tồn của trehaloza phosphorylaza từ *Schizophyllum commune* ở nhiệt độ 30°C, 40°C và 50°C lần lượt là 4,5 ngày, 2,2 giờ và 6 phút, (Klimacek *et al., Biotechnology Techniques* 13: 243-248, 1999, Eis *et al.*, *Biochem J* 341, 385-393 (1999)). Trong khi việc bổ sung PEG 4000 vào cải thiện mức độ ổn định của enzym, mức cải thiện này là vẫn không đủ cho các ứng dụng ở nhiệt độ hoặc ở nhiệt độ cao hơn 40°C và thời gian xử lý vài giờ đến vài ngày. Sự có mặt của PEG 4000 còn có thể cản trở cấu trúc chi phí quy mô công nghiệp và các yêu cầu xử lý tiếp theo đối với các sản phẩm thu được theo phản ứng enzym.

Thời gian bán tồn của các trehaloza phosphorylaza từ *Schizophyllum commune* cũng có thể được cải thiện bằng cách cố định đến 22 ngày, 3,3 ngày và 2 giờ lần lượt ở nhiệt độ 30°C, 40°C và 50°C (Klimacek *et al., Biotechnology Techniques* 13: 243-248, 1999). Tuy nhiên, việc dẫn đến chi phí sản xuất enzym cao hơn do chất mang đắt tiền và chi phí sản xuất cao, và chỉ hiệu quả về mặt ứng dụng công nghiệp nếu enzym có thể được thu hồi và được sử dụng lại nhiều chu kỳ. Ngoài ra, việc cố định hạn chế các lựa chọn về quy trình và xử lý tiếp theo đối với các sản phẩm của phản ứng enzym.

Do đó, việc thực hiện các phản ứng tổng hợp sử dụng các trehaloza phosphorylaza ở nhiệt độ nằm trong khoảng từ 25°C đến 35°C không là điều đáng ngạc nhiên (Schwarz *et al., J of Biotechnology* 129, 140-150 (2007), Saito *et al.*, *Appl Microbiol Biotechnol* 50:193-198 (1998), Saito *et al., Appl Microbiol Biotechnol* 64: 4340-4345 (1998)).

Cách thức khác để cải thiện tính năng của các enzym và mức độ thích hợp của chúng để dùng trong quy trình công nghiệp là xử lý enzym. Kỹ thuật này bao gồm việc phát triển các biến thể của enzym khởi đầu với các tính chất tốt hơn (về tổng quan, chẳng hạn, xem tài liệu: S. Lutz, U.T. Bornscheuer, *Protein Engineering Handbook*, Wiley VCH, Weinheim, 2009). Trong số các enzym cùng loại khác, các phosphorylaza được cải thiện bằng cách xử lý enzym. Ví dụ, US 2013-0029384 bộc lộ các biến thể của sucroza phosphorylaza thuộc họ glycosyl hyđrolaza 13 có mức độ ổn định nhiệt tốt hơn. Các biến

thể của trehaloza phosphorylaza có chỉ số phân loại theo hệ EC là EC 2.4.1.231 bị giới hạn ở các biến thể để làm sáng tỏ cơ chế phản ứng của trehaloza phosphorylaza đó. Dựa trên các biến thể này, Goedl và các đồng tác giả (*Biochem J* 397; 491-500; 2006) đã phát hiện thấy rằng việc thế ở các vị trí axit amin D379, H403, R507 và K512 của trehaloza phosphorylaza từ *Shizophyllum commune* dẫn đến giảm hoạt tính. Các biến thể có một trong số các đột biến đơn dưới đây D379N, H403A, R507A và K512A thể hiện hoạt tính giảm đối với việc phân giải phospho bằng trehaloza. Cụ thể hơn, Goedl và các đồng tác giả (FEBS J 275; 903-913, 2008) đã thấy rằng các đột biến R507A và K512A của trehaloza phosphorylaza từ *Shizophyllum commune* có tác động đến hiệu quả xúc tác của trehaloza phosphorylaza của loại thường ($k_{xúc\ tác}/K_M$).

Vì các trehaloza phosphorylaza loại thường đã biết không thỏa mãn mọi khía cạnh, và các cố gắng cải thiện một cách có hiệu quả ứng dụng công nghiệp của các trehaloza phosphorylaza, như được bộc lộ trong lĩnh vực kỹ thuật này đã không thành công, cần có các trehaloza phosphorylaza mà có ưu điểm hơn so với các trehaloza phosphorylaza loại thường, đặc biệt là liên quan đến tính ổn định trong quá trình xử lý ở nhiệt độ cao cho quy trình sản xuất trehaloza ở quy mô công nghiệp.

Do đó, vấn đề cơ bản của sáng chế là đề xuất trehaloza phosphorylaza mà là thích hợp để dùng trong quy trình sản xuất trehaloza ở quy mô công nghiệp.

Vấn đề cơ bản khác nữa của sáng chế là đề xuất trehaloza phosphorylaza mà là ổn nhiệt và thể hiện hoạt tính còn lại trong khoảng từ 30% đến 90% hoặc từ 55% đến 100% sau khi ủ ở nhiệt độ 52°C trong thời gian 15 phút mà không cần enzym làm cố định hoặc bổ sung tác nhân làm ổn định bất kỳ (ví dụ, PEG hoặc glyxerol) ngoài sucroza vào.

Một vấn đề cơ bản khác của sáng chế là đề xuất trehaloza phosphorylaza mà là ổn nhiệt và thể hiện thời gian bán tồn ở nhiệt độ 45°C từ 3 giờ đến 9 ngày hoặc dài hơn mà không cần enzym làm cố định hoặc bổ sung tác nhân làm ổn định bất kỳ (ví dụ, PEG hoặc glyxerol), ngoài sucroza, vào.

Một vấn đề cơ bản khác của sáng chế là đề xuất trehaloza phosphorylaza mà có tỷ lệ 100/500 nằm trong khoảng từ 0,65 đến 1,0.

Vấn đề khác nữa là đề xuất cách mà cho phép chuyển hóa glucoza và alpha-D-glucoza 1-phosphat thành trehaloza và phosphat vô cơ.

Bản chất kỹ thuật của sáng chế

Các vấn đề này và các vấn đề khác được giải quyết bởi các điểm yêu cầu bảo hộ độc lập kèm theo. Các phương án được ưu tiên có thể được lấy từ các điểm yêu cầu bảo hộ phụ thuộc kèm theo.

Cụ thể hơn, các vấn đề này và các vấn đề khác được giải quyết theo khía cạnh thứ nhất, mà cũng là phương án thứ nhất của khía cạnh thứ nhất, bằng polypeptit, tốt hơn là trehaloza phosphorylaza, chứa trình tự axit amin, trong đó trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza đồng nhất ít nhất là 80% và/hoặc tương đồng ít nhất là 80% với trình tự axit amin của SEQ ID NO:1, trong đó trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza chứa thay thế axit amin ở một hoặc nhiều vị trí axit amin, trong đó một hoặc nhiều vị trí axit amin được chọn từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin 712, 383, 10, 114, 118, 192, 197, 220, 225, 304, 306, 318, 323, 339, 349, 357, 459, 476, 481, 484, 487, 488, 506, 511, 526, 530, 532, 533, 537, 550, 556, 564, 590, 649, 667, 703 và 705 của SEQ ID NO: 1. Tốt hơn là, một hoặc nhiều vị trí axit amin được chọn một cách độc lập và riêng rẽ từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin 712, 383, 10, 114, 118, 192, 197, 220, 225, 304, 306, 318, 323, 339, 349, 357, 459, 476, 481, 484, 487, 488, 506, 511, 526, 530, 532, 533, 537, 550, 556, 564, 590, 649, 667, 703 và 705 của SEQ ID NO: 1. Còn tốt hơn nữa, một hoặc nhiều vị trí axit amin được chọn một cách độc lập và riêng rẽ từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin 712, 383, 114, 118, 192, 197, 220, 225, 304, 306, 318, 323, 339, 349, 357, 459, 476, 481, 484, 487, 488, 506, 511, 526, 530, 532, 533, 537, 550, 556, 564, 590, 667, 703 và 705 của SEQ ID NO: 1. Như phát hiện được một cách đáng ngạc nhiên ở trường hợp theo sáng chế, đột biến của một hoặc nhiều vị trí này dẫn đến các đặc tính tốt hơn so với trình tự loại thường của SEQ ID NO: 1, ví dụ, mức độ ổn định nhiệt cao hơn của enzym dẫn đến hoạt tính còn lại sau 15 phút ủ ở nhiệt độ 52°C ít nhất là 22% so với 19% trehaloza phosphorylaza được mã hóa bởi trình tự axit amin loại thường được thể hiện ở trình tự SEQ ID NO: 1.

Theo phương án thứ hai của khía cạnh thứ nhất mà cũng là một phương án trong số các phương án thứ nhất của khía cạnh thứ nhất, một hoặc nhiều vị trí axit amin được

chọn từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin L712, P383, V10, L114, I118, S192, S197, Y220, N225, A304, D306, P318, T323, L339, F349, G357, A459, Q476, E481, A484, Q487, K488, A506, A511, R526, E530, G532, D533, D537, V550, S556, T564, D590, A649, R667, A703 và K705 của SEQ ID NO: 1.

Theo phương án thứ ba của khía cạnh thứ nhất mà cũng là một phương án trong số các phương án thứ nhất và thứ hai của khía cạnh thứ nhất, một hoặc nhiều vị trí axit amin được chọn từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin 712, 383, 10, 114, 118, 220, 225, 304, 318, 323, 349, 357, 481, 487, 488, 506, 511, 550, 556, 564, 590, 649, 703 và 705 của SEQ ID NO: 1.

Theo phương án thứ tư của khía cạnh thứ nhất mà cũng là một phương án trong số các phương án thứ nhất, thứ hai và thứ ba của khía cạnh thứ nhất, một hoặc nhiều vị trí axit amin được chọn từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin L712, P383, V10, L114, I118, Y220, N225, A304, P318, T323, F349, G357, E481, Q487, K488, A506, A511, V550, S556, T564, D590, A649, A703 và K705 của SEQ ID NO: 1.

Theo phương án thứ năm của khía cạnh thứ nhất mà cũng là một phương án trong số các phương án thứ nhất, thứ hai, thứ ba và thứ tư của khía cạnh thứ nhất, một hoặc nhiều vị trí axit amin được chọn từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin 712, 383, 114, 118, 225, 304, 323, 349, 357, 487, 550, 556, 564, 590 và 649 của SEQ ID NO: 1.

Theo phương án thứ sáu của khía cạnh thứ nhất mà cũng là một phương án trong số các phương án thứ nhất, thứ hai, thứ ba, thứ tư và thứ năm của khía cạnh thứ nhất, tốt hơn là theo phương án thứ năm của khía cạnh thứ nhất, một hoặc nhiều vị trí axit amin được chọn từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin L712, P383, L114, I118, N225, A304, T323, F349, G357, Q487, V550, S556, T564, D590 và A649 của SEQ ID NO: 1.

Theo phương án được ưu tiên khác của khía cạnh thứ nhất, mà cũng là một phương án trong số các phương án bất kỳ trước của khía cạnh thứ nhất, một hoặc nhiều vị trí axit amin được chọn từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin 383, 225, 304, 323, 487, 550, 556, 564, 590, và 705 của SEQ ID NO: 1.

Theo phương án được ưu tiên khác của khía cạnh thứ nhất, mà cũng là một phương án trong số các phương án bất kỳ trước của khía cạnh thứ nhất, một hoặc nhiều vị

trí axit amin được chọn từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin 383, 225, 304, 487, 556, 590 và 705 của SEQ ID NO: 1.

Theo phương án được ưu tiên khác của khía cạnh thứ nhất, mà cũng là một phương án trong số các phương án bất kỳ trước của khía cạnh thứ nhất, một hoặc nhiều vị trí axit amin được chọn từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin 383, 225, 304, 487, 556, và 590 của SEQ ID NO: 1.

Theo phương án được ưu tiên khác của khía cạnh thứ nhất, mà cũng là một phương án trong số các phương án bất kỳ trước của khía cạnh thứ nhất, một hoặc nhiều vị trí axit amin được chọn từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin 383, 556, và 590 của SEQ ID NO: 1.

Theo phương án được ưu tiên khác của khía cạnh thứ nhất, mà cũng là một phương án trong số các phương án bất kỳ trước của khía cạnh thứ nhất, một hoặc nhiều vị trí axit amin được chọn từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin 383 và 590 của SEQ ID NO: 1.

Theo phương án được ưu tiên khác của khía cạnh thứ nhất, mà cũng là một phương án trong số các phương án bất kỳ trước của khía cạnh thứ nhất, một hoặc nhiều vị trí axit amin là vị trí axit amin 383 của SEQ ID NO: 1.

Theo phương án được ưu tiên khác của khía cạnh thứ nhất, mà cũng là một phương án trong số các phương án bất kỳ trước của khía cạnh thứ nhất, một hoặc nhiều vị trí axit amin được chọn từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin P383, N225, A304, T323, Q487, V550, S556, T564, D590 và N705 của SEQ ID NO: 1.

Theo phương án được ưu tiên khác của khía cạnh thứ nhất, mà cũng là một phương án trong số các phương án bất kỳ trước của khía cạnh thứ nhất, trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza chứa trình tự axit amin theo một trong số các SEQ ID NO: 2, 84, 85, 86, 87, 88, 89, 90, 91, 92, 93, 94, 95, 96, 97, 98, 99, 100, 101, 102, 103, 104, 105, 106, 107, 108, 109, tốt hơn là theo một trong số các SEQ ID NO: 2, 84, 85, 87, 88, 89, 91, 92, 93, 94, 95, 97, 98, 99, 100, 101, 102, 103, 104, 105, 106, 107, 109, tốt hơn nữa theo một trong số các SEQ ID NO: 84, 85, 87, 88, 89, 91, 92, 93, 94, 95, 97, 98, 99, 100, 101, 102, 103, 104, 105, 106, 107, 109, cũng tốt hơn nếu theo một trong số các SEQ

ID NO: 87, 89, 91, 97, 98, 99, 100, 101, 102, 103, 104, 109, còn tốt hơn nữa theo một trong số các SEQ ID NO: 87, 91, 97, 98, 99, 100, 101, 102, 103, 104, 109, và tốt nhất là theo một trong số các SEQ ID NO: 87, 97, 98, 99, 100, 101, 102, 103, 104.

Theo phương án thứ bảy của khía cạnh thứ nhất mà cũng là một phương án trong số các phương án thứ nhất, thứ hai, thứ ba, thứ tư, thứ năm và thứ sáu hoặc phương án trước bất kỳ khác của khía cạnh thứ nhất, một hoặc nhiều vị trí axit amin là hai hoặc nhiều vị trí axit amin.

Theo phương án thứ tám của khía cạnh thứ nhất mà cũng là một phương án trong số các phương án thứ nhất, thứ hai, thứ ba, thứ tư, thứ năm, thứ sáu và thứ bảy hoặc phương án trước bất kỳ khác của khía cạnh thứ nhất, tốt hơn là theo phương án thứ bảy của khía cạnh thứ nhất, một hoặc nhiều vị trí axit amin là ba hoặc nhiều vị trí axit amin.

Theo phương án thứ chín của khía cạnh thứ nhất mà cũng là một phương án trong số các phương án thứ nhất, thứ hai, thứ ba, thứ tư, thứ năm, thứ sáu, thứ bảy và thứ tám hoặc phương án trước bất kỳ khác của khía cạnh thứ nhất, tốt hơn là theo phương án thứ tám của khía cạnh thứ nhất, một hoặc nhiều vị trí axit amin là bốn hoặc nhiều vị trí axit amin.

Theo phương án thứ mười của khía cạnh thứ nhất mà cũng là một phương án trong số các phương án thứ nhất, thứ hai, thứ ba, thứ tư, thứ năm, thứ sáu, thứ bảy, thứ tám và thứ chín hoặc phương án trước bất kỳ khác của khía cạnh thứ nhất, tốt hơn là theo phương án thứ chín của khía cạnh thứ nhất, một hoặc nhiều vị trí axit amin là năm hoặc nhiều vị trí axit amin.

Theo phương án thứ mười một của khía cạnh thứ nhất mà cũng là một phương án trong số các phương án thứ nhất, thứ hai, thứ ba, thứ tư, thứ năm, thứ sáu, thứ bảy, thứ tám, thứ chín và thứ mười hoặc phương án trước bất kỳ khác của khía cạnh thứ nhất, tốt hơn là của phần mười phương án của khía cạnh thứ nhất, một hoặc nhiều vị trí axit amin là sáu hoặc nhiều vị trí axit amin.

Theo phương án thứ mười hai của khía cạnh thứ nhất mà cũng là một phương án của thứ nhất, thứ hai, thứ ba, thứ tư, thứ năm, thứ sáu, thứ bảy, thứ tám, thứ chín, thứ mười và thứ mười một phương án hoặc phương án trước bất kỳ khác của khía cạnh thứ

nhất, tốt hơn là theo phương án thứ mười một của khía cạnh thứ nhất, một hoặc nhiều vị trí axit amin là bảy hoặc nhiều vị trí axit amin.

Theo phương án thứ 13 của khía cạnh thứ nhất mà cũng là một phương án trong số các phương án thứ nhất, thứ hai, thứ ba, thứ tư, thứ năm, thứ sáu, thứ bảy, thứ tám, thứ chín, thứ mười, thứ mười một và thứ mười hai hoặc phương án trước bất kỳ khác của khía cạnh thứ nhất, tốt hơn là theo phương án thứ mười hai của khía cạnh thứ nhất, một hoặc nhiều vị trí axit amin là tám hoặc nhiều vị trí axit amin.

Theo phương án thứ 14 của khía cạnh thứ nhất mà cũng là một phương án trong số các phương án thứ nhất, thứ hai, thứ ba, thứ tư, thứ năm, thứ sáu, thứ bảy, thứ tám, thứ chín, thứ mười, thứ mười một, thứ mười hai và thứ 13 hoặc phương án trước bất kỳ khác của khía cạnh thứ nhất, tốt hơn là theo phương án thứ 13 của khía cạnh thứ nhất, một hoặc nhiều vị trí axit amin là chín hoặc nhiều vị trí axit amin.

Theo phương án thứ 15 của khía cạnh thứ nhất mà cũng là một phương án trong số các phương án thứ nhất, thứ hai, thứ ba, thứ tư, thứ năm, thứ sáu, thứ bảy, thứ tám, thứ chín, thứ mười, thứ mười một, thứ mười hai, thứ 13 và thứ 14 hoặc phương án trước bất kỳ khác của khía cạnh thứ nhất, tốt hơn là theo phương án thứ 14 của khía cạnh thứ nhất, một hoặc nhiều vị trí axit amin là mười hoặc nhiều vị trí axit amin.

Theo phương án thứ 16 của khía cạnh thứ nhất mà cũng là một phương án trong số các phương án thứ nhất, thứ hai, thứ ba, thứ tư, thứ năm, thứ sáu, thứ bảy, thứ tám, thứ chín, thứ mười, thứ mười một, thứ mười hai, thứ 13, thứ 14 và thứ 15 hoặc phương án trước bất kỳ khác của khía cạnh thứ nhất, tốt hơn là theo phương án thứ 15 của khía cạnh thứ nhất, một hoặc nhiều vị trí axit amin là mười một hoặc nhiều vị trí axit amin.

Theo phương án thứ 17 của khía cạnh thứ nhất mà cũng là một phương án trong số các phương án thứ nhất, thứ hai, thứ ba, thứ tư, thứ năm, thứ sáu, thứ bảy, thứ tám, thứ chín, thứ mười, thứ mười một, thứ mười hai, thứ 13, thứ 14, thứ 15 và thứ 16 hoặc phương án trước bất kỳ khác của khía cạnh thứ nhất, tốt hơn là theo phương án thứ 16 của khía cạnh thứ nhất, một hoặc nhiều vị trí axit amin là mười hai hoặc nhiều vị trí axit amin.

Theo phương án thứ 18 của khía cạnh thứ nhất mà cũng là một phương án trong số các phương án thứ nhất, thứ hai, thứ ba, thứ tư, thứ năm, thứ sáu, thứ bảy, thứ tám, thứ chín, thứ mười, thứ mười một, thứ mười hai, thứ 13, thứ 14, thứ 15, thứ 16 và thứ 17 hoặc phương án trước bất kỳ khác của khía cạnh thứ nhất, tốt hơn là theo phương án thứ 17 của khía cạnh thứ nhất, một hoặc nhiều vị trí axit amin là 13 hoặc nhiều vị trí axit amin.

Theo phương án thứ 19 của khía cạnh thứ nhất mà cũng là một phương án trong số các phương án thứ nhất, thứ hai, thứ ba, thứ tư, thứ năm, thứ sáu, thứ bảy, thứ tám, thứ chín, thứ mười, thứ mười một, thứ mười hai, thứ 13, thứ 14, thứ 15, thứ 16, thứ 17 và thứ 18 hoặc phương án trước bất kỳ khác của khía cạnh thứ nhất, tốt hơn là theo phương án thứ 18 của khía cạnh thứ nhất, một hoặc nhiều vị trí axit amin là 14 hoặc nhiều vị trí axit amin.

Theo phương án thứ 20 của khía cạnh thứ nhất mà cũng là một phương án trong số các phương án thứ nhất, thứ hai, thứ ba, thứ tư, thứ năm, thứ sáu, thứ bảy, thứ tám, thứ chín, thứ mười, thứ mười một, thứ mười hai, thứ 13, thứ 14, thứ 15, thứ 16, thứ 17, thứ 18 và thứ 19 hoặc phương án trước bất kỳ khác của khía cạnh thứ nhất, tốt hơn là trong số các phương án thứ bảy, thứ tám, thứ chín, thứ mười, thứ mười một, thứ mười hai, thứ 13, thứ 14, thứ 15, thứ 16, thứ 17, thứ 18 và thứ 19 của khía cạnh thứ nhất, mỗi và từng vị trí axit amin bất kỳ được chọn từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin 712, 383, 10, 114, 118, 192, 197, 220, 225, 304, 306, 318, 323, 339, 349, 357, 459, 476, 481, 484, 487, 488, 506, 511, 526, 530, 532, 533, 537, 550, 556, 564, 590, 649, 667, 703 và 705 của SEQ ID NO: 1, tốt hơn là mỗi và từng vị trí axit amin bất kỳ được chọn một cách độc lập là và riêng rẽ từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin 712, 383, 10, 114, 118, 192, 197, 220, 225, 304, 306, 318, 323, 339, 349, 357, 459, 476, 481, 484, 487, 488, 506, 511, 526, 530, 532, 533, 537, 550, 556, 564, 590, 649, 667, 703 và 705 của SEQ ID NO: 1.

Theo phương án thứ 21 của khía cạnh thứ nhất mà cũng là một phương án trong số phương án thứ 20 của khía cạnh thứ nhất, mỗi và từng vị trí axit amin bất kỳ được chọn từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin L712, P383, V10, L114, I118, S192, S197, Y220, N225, A304, D306, P318, T323, L339, F349, G357, A459, Q476, E481, A484, Q487, K488, A506, A511, R526, E530, G532, D533, D537, V550, S556, T564, D590, A649, R667, A703 và K705 của SEQ ID NO: 1, tốt hơn là mỗi và từng vị trí axit amin bất kỳ

được chọn một cách độc lập là và riêng rẽ từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin L712, P383, V10, L114, I118, S192, S197, Y220, N225, A304, D306, P318, T323, L339, F349, G357, A459, Q476, E481, A484, Q487, K488, A506, A511, R526, E530, G532, D533, D537, V550, S556, T564, D590, A649, R667, A703 và K705 của SEQ ID NO: 1.

Theo phương án thứ 22 của khía cạnh thứ nhất mà cũng là một phương án trong số phương án thứ 20 của khía cạnh thứ nhất, mỗi và từng vị trí axit amin bất kỳ được chọn từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin 712, 383, 10, 114, 118, 220, 225, 304, 318, 323, 349, 357, 481, 487, 488, 506, 511, 550, 556, 564, 590, 649, 703 và 705 của SEQ ID NO: 1, tốt hơn là mỗi và từng vị trí axit amin bất kỳ được chọn một cách độc lập là và riêng rẽ từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin 712, 383, 10, 114, 118, 220, 225, 304, 318, 323, 349, 357, 481, 487, 488, 506, 511, 550, 556, 564, 590, 649, 703 và 705 của SEQ ID NO: 1.

Theo phương án thứ 23 của khía cạnh thứ nhất mà cũng là một phương án trong số phương án thứ 22 của khía cạnh thứ nhất, mỗi và từng vị trí axit amin bất kỳ được chọn từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin L712, P383, V10, L114, I118, Y220, N225, A304, P318, T323, F349, G357, E481, Q487, K488, A506, A511, V550, S556, T564, D590, A649, A703 và K705 của SEQ ID NO: 1, tốt hơn là mỗi và từng vị trí axit amin bất kỳ được chọn một cách độc lập là và riêng rẽ từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin L712, P383, V10, L114, I118, Y220, N225, A304, P318, T323, F349, G357, E481, Q487, K488, A506, A511, V550, S556, T564, D590, A649, A703 và K705 của SEQ ID NO: 1.

Theo phương án thứ 24 của khía cạnh thứ nhất mà cũng là một phương án trong số phương án thứ 22 của khía cạnh thứ nhất, mỗi và từng vị trí axit amin bất kỳ được chọn từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin 712, 383, 114, 118, 225, 304, 323, 349, 357, 487, 550, 556, 564, 590 và 649 của SEQ ID NO: 1, tốt hơn là mỗi và từng vị trí axit amin bất kỳ được chọn một cách độc lập là và riêng rẽ từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin 712, 383, 114, 118, 225, 304, 323, 349, 357, 487, 550, 556, 564, 590 và 649 của SEQ ID NO: 1.

Theo phương án thứ 25 của khía cạnh thứ nhất mà cũng là một phương án trong số phương án thứ 24 của khía cạnh thứ nhất, mỗi và từng vị trí axit amin bất kỳ được chọn từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin L712, P383, L114, I118, N225, A304, T323, F349,

G357, Q487, V550, S556, T564, D590 và A649 của SEQ ID NO: 1, tốt hơn là mỗi và từng vị trí axit amin bất kỳ được chọn một cách độc lập là và riêng rẽ từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin L712, P383, L114, I118, N225, A304, T323, F349, G357, Q487, V550, S556, T564, D590 và A649 của SEQ ID NO: 1.

Theo phương án thứ 26 của khía cạnh thứ nhất mà cũng là một phương án trong số các phương án thứ bảy, thứ tám, thứ chín, thứ mười, thứ mười một, thứ mười hai, thứ 13, thứ 14, thứ 15, thứ 16, thứ 17, thứ 18, thứ 19, thứ 20, thứ 21, thứ 22, thứ 23, thứ 24 và thứ 25 của khía cạnh thứ nhất, hai hoặc nhiều vị trí axit amin chứa cặp gồm hai vị trí axit amin, trong đó cặp gồm hai vị trí axit amin được chọn từ nhóm bao gồm 10 và 114, 10 và 118, 10 và 220, 10 và 225, 10 và 304, 10 và 323, 10 và 349, 10 và 357, 10 và 383, 10 và 487, 10 và 506, 10 và 550, 10 và 556, 10 và 564, 10 và 590, 10 và 649, 10 và 705, 10 và 712, 114 và 118, 114 và 220, 114 và 225, 114 và 304, 114 và 323, 114 và 349, 114 và 357, 114 và 383, 114 và 487, 114 và 506, 114 và 550, 114 và 556, 114 và 564, 114 và 590, 114 và 649, 114 và 705, 114 và 712, 118 và 220, 118 và 225, 118 và 304, 118 và 323, 118 và 349, 118 và 357, 118 và 383, 118 và 487, 118 và 506, 118 và 550, 118 và 556, 118 và 564, 118 và 590, 118 và 649, L118 và 705, 118 và 712, 220 và 225, 220 và 304, 220 và 323, 220 và 349, 220 và 357, 220 và 383, 220 và 487, 220 và 506, 220 và 550, 220 và 556, 220 và 564, 220 và 590, 220 và 649, 220 và 705, 220 và 712, 225 và 304, 225 và 323, 225 và 349, 225 và 357, 225 và 383, 225 và 487, 225 và 506, 225 và 550, 225 và 556, 225 và 564, 225 và 590, 225 và 649, 225 và 705, 225 và 712, 304 và 323, 304 và 349, 304 và 357, 304 và 383, 304 và 487, 304 và 506, 304 và 550, 304 và 556, 304 và 564, 304 và 590, 304 và 649, 304 và 705, 304 và 712, 323 và 349, 323 và 357, 323 và 383, 323 và 487, 323 và 506, 323 và 550, 323 và 556, 323 và 564, 323 và 590, 323 và 649, 323 và 705, 323 và 712, 349 và 357, 349 và 383, 349 và 487, 349 và 506, 349 và 550, 349 và 556, 349 và 564, 349 và 590, 349 và 649, 349 và 705, 349 và 712, 357 và 383, 357 và 487, 357 và 506, 357 và 550, 357 và 556, 357 và 564, 357 và 590, 357 và 649, 357 và 705, 357 và 712, 383 và 487, 383 và 506, 383 và 550, 383 và 556, 383 và 564, 383 và 590, 383 và 649, 383 và 705, 383 và 712, 487 và 506, 487 và 550, 487 và 556, 487 và 564, 487 và 590, 487 và 649, 487 và 705, 487 và 712, 506 và 550, 506 và 556, 506 và 564, 506 và 590, 506 và 649, 506 và 705, 506 và 712, 550 và 556, 550 và 564, 550 và 590, 550 và 649, 550 và 705, 550 và 712, 556 và 564, 556 và

590, 556 và 649, 556 và 705, 556 và 712, 564 và 590, 564 và 649, 564 và 705, 564 và 712, 590 và 649, 590 và 705, 590 và 712, 649 và 712, 649 và 705, và 705 và 712, và tốt hơn nếu cặp gồm hai vị trí axit amin được chọn từ nhóm bao gồm V10 và L114, V10 và I118, V10 và Y220, V10 và N225, V10 và A304, V10 và T323, V10 và F349, V10 và G357, V10 và P383, V10 và Q487, V10 và A506, V10 và V550, V10 và S556, V10 và T564, V10 và D590, V10 và A649, V10 và K705, V10 và L712, L114 và I118, L114 và Y220, L114 và N225, L114 và A304, L114 và T323, V10 và F349, L114 và G357, L114 và P383, L114 và Q487, L114 và A506, L114 và V550, L114 và S556, L114 và T564, L114 và D590, L114 và A649, L114 và K705, L114 và L712, I118 và Y220, I118 và N225, I118 và A304, I118 và T323, I118 và F349, I118 và G357, I118 và P383, I118 và Q487, I118 và A506, I118 và V550, I118 và S556, I118 và T564, I118 và D590, 118 và A649, L118 và K705, I118 và L712, Y220 và N225, Y220 và A304, Y220 và T323, Y220 và F349, Y220 và G357, Y220 và P383, Y220 và Q487, Y220 và A506, Y220 và V550, Y220 và S556, Y220 và T564, Y220 và D590, Y220 và A649, Y220 và K705, Y220 và L712, N225 và A304, N225 và T323, N225 và F349, N225 và G357, N225 và P383, N225 và Q487, N225 và A506, N225 và V550, N225 và S556, N225 và T564, N225 và D590, N225 và A649, N225 và K705, N225 và L712, A304 và T323, A304 và F349, A304 và G357, A304 và P383, A304 và Q487, A304 và A506, A304 và V550, A304 và S556, A304 và T564, A304 và D590, A304 và A649, A304 và K705, A304 và L712, T323 và F349, T323 và G357, T323 và P383, T323 và Q487, T323 và A506, T323 và V550, T323 và S556, T323 và T564, T323 và D590, T323 và A649, T323 và K705, T323 và L712, F349 và G357, F349 và P383, F349 và Q487, F349 và A506, F349 và V550, F349 và S556, F349 và T564, F349 và D590, F349 và A649, F349 và K705, F349 và L712, G357 và P383, G357 và Q487, G357 và A506, G357 và V550, G357 và S556, G357 và T564, G357 và D590, G357 và A649, G357 và K705, G357 và L712, P383 và Q487, P383 và A506, P383 và V550, P383 và S556, P383 và T564, P383 và D590, P383 và A649, P383 và K705, P383 và L712, Q487 và A506, Q487 và V550, Q487 và S556, Q487 và T564, Q487 và D590, Q487 và A649, Q487 và K705, Q487 và L712, A506 và V550, A506 và S556, A506 và T564, A506 và D590, A506 và A649, A506 và K705, A506 và L712, V550 và S556, V550 và T564, V550 và D590, V550 và A649, V550 và K705, V550 và L712, S556 và T564, S556 và D590, S556 và A649, S556 và K705, S556

và L712, T564 và D590, T564 và A649, T564 và K705, T564 và L712, D590 và A649, D590 và K705, D590 và L712, A649 và L712, A649 và K705, và K705 và L712.

Theo phương án thứ 27 của khía cạnh thứ nhất mà cũng là một phương án trong số phương án thứ 26 của khía cạnh thứ nhất, cặp gồm hai vị trí axit amin được chọn từ nhóm bao gồm 10 và 114, 10 và 220, 10 và 383, 10 và 506, 10 và 705, 10 và 712, 114 và 118, 114 và 220, 114 và 225, 114 và 304, 114 và 225, 114 và 349, 114 và 357, 114 và 383, 114 và 487, 114 và 506, 114 và 550, 114 và 556, 114 và 564, 114 và 590, 114 và 649, 114 và 705, 114 và 712, 118 và 225, 118 và 304, 118 và 323, 118 và 349, 118 và 357, 118 và 383, 118 và 487, 118 và 550, 118 và 556, 118 và 564, 118 và 590, 118 và 649, 118 và 712, 220 và 383, 220 và 506, 220 và 705, 220 và 712, 225 và 304, 225 và 323, 225 và 349, 225 và 357, 225 và 383, 225 và 487, 225 và 550, 225 và 556, 225 và 564, 225 và 590, 225 và 649, 225 và 712, 304 và 323, 304 và 349, 304 và 357, 304 và 383, 304 và 487, 304 và 550, 304 và 556, 304 và 564, 304 và 590, 304 và 649, 304 và 712, 323 và 349, 323 và 357, 323 và 383, 323 và 487, 323 và 550, 323 và 556, 323 và 564, 323 và 590, 323 và 649, 323 và 712, 349 và 357, 349 và 383, 349 và 487, 349 và 550, 349 và 556, 349 và 564, 349 và 590, 349 và 649, 349 và 712, 357 và 383, 357 và 487, 357 và 550, 357 và 556, 357 và 564, 357 và 590, 357 và 649, 357 và 705, 357 và 712, 383 và 487, 383 và 506, 383 và 550, 383 và 556, 383 và 564, 383 và 590, 383 và 649, 383 và 705, 383 và 712, 487 và 550, 487 và 556, 487 và 564, 487 và 590, 487 và 649, 487 và 712, 506 và 705, 506 và 712, 550 và 556, 550 và 564, 550 và 590, 550 và 649, 550 và 712, 556 và 564, 556 và 590, 556 và 649, 556 và 712, 564 và 590, 564 và 649, 564 và 712, 590 và 649, 590 và 712, 649 và 712, 705 và 712, và tốt hơn nếu cặp gồm hai vị trí axit amin được chọn từ nhóm bao gồm V10 và L114, V10 và Y220, V10 và P383, V10 và A506, V10 và K705, V10 và L712, L114 và I118, L114 và Y220, L114 và N225, L114 và A304, L114 và T323, L114 và F349, L114 và G357, L114 và P383, L114 và Q487, L114 và A506, L114 và V550, L114 và S556, L114 và T564, L114 và D590, L114 và A649, L114 và K705, L114 và L712, I118 và N225, I118 và A304, I118 và T323, I118 và F349, I118 và G357, I118 và P383, I118 và Q487, I118 và V550, I118 và S556, I118 và T564, I118 và D590, 118 và A649, I118 và L712, Y220 và P383, Y220 và A506, Y220 và K705, Y220 và L712, N225 và A304, N225 và T323, N225 và F349, N225 và G357, N225 và P383, N225 và Q487, N225 và V550, N225 và S556, N225 và T564,

N225 và D590, N225 và A649, N225 và L712, A304 và T323, A304 và F349, A304 và G357, A304 và P383, A304 và Q487, A304 và V550, A304 và S556, A304 và T564, A304 và D590, A304 và A649, A304 và L712, T323 và F349, T323 và G357, T323 và P383, T323 và Q487, T323 và V550, T323 và S556, T323 và T564, T323 và D590, T323 và A649, T323 và L712, F349 và G357, F349 và P383, F349 và Q487, F349 và V550, F349 và S556, F349 và T564, F349 và D590, F349 và A649, F349 và L712, G357 và P383, G357 và Q487, G357 và V550, G357 và S556, G357 và T564, G357 và D590, G357 và A649, G357 và K705, G357 và L712, P383 và Q487, P383 và A506, P383 và V550, P383 và S556, P383 và T564, P383 và D590, P383 và A649, P383 và K705, P383 và L712, Q487 và V550, Q487 và S556, Q487 và T564, Q487 và D590, Q487 và A649, Q487 và L712, A506 và K705, A506 và L712, V550 và S556, V550 và T564, V550 và D590, V550 và A649, V550 và L712, S556 và T564, S556 và D590, S556 và A649, S556 và L712, T564 và D590, T564 và A649, T564 và L712, D590 và A649, D590 và L712, A649 và L712, K705 và L712.

Theo phương án thứ 28 của khía cạnh thứ nhất mà cũng là một phương án trong số các phương án thứ 27 của khía cạnh thứ nhất, cặp gồm hai vị trí axit amin được chọn từ nhóm bao gồm 10 và 114, 10 và 712, 114 và 118, 114 và 304, 114 và 357, 114 và 383, 114 và 590, 114 và 712, 118 và 304, 118 và 357, 118 và 383, 118 và 556, 118 và 564, 118 và 590, 118 và 712, 225 và 304, 225 và 383, 225 và 487, 225 và 550, 225 và 556, 225 và 590, 304 và 323, 304 và 357, 304 và 383, 304 và 487, 304 và 556, 304 và 564, 304 và 590, 304 và 712, 323 và 357, 323 và 487, 323 và 556, 323 và 564, 323 và 590, 323 và 649, 349 và 383, 349 và 590, 357 và 383, 357 và 590, 357 và 705, 357 và 712, 383 và 487, 383 và 550, 383 và 556, 383 và 564, 383 và 590, 383 và 649, 383 và 712, 487 và 564, 487 và 590, 487 và 649, 550 và 590, 556 và 564, 556 và 590, 556 và 649, 564 và 590, 564 và 712, 590 và 649, 590 và 712, và 649 và 712, và tốt hơn nếu cặp gồm hai vị trí axit amin được chọn từ nhóm bao gồm V10 và L114, V10 và L712, L114 và I118, L114 và A304, L114 và G357, L114 và P383, L114 và D590, L114 và L712, I118 và A304, I118 và G357, I118 và P383, I118 và S556, I118 và T564, I118 và D590, I118 và L712, N225 và A304, N225 và P383, N225 và Q487, N225 và V550, N225 và S556, N225 và D590, A304 và T323, A304 và G357, A304 và P383, A304 và Q487, A304 và S556, A304 và T564, A304 và D590, A304 và L712, T323 và G357, T323 và Q487,

T323 và S556, T323 và T564, T323 và D590, T323 và A649, F349 và P383, F349 và D590, G357 và P383, G357 và D590, G357 và K705, G357 và L712, P383 và Q487, P383 và V550, P383 và S556, P383 và T564, P383 và D590, P383 và A649, P383 và L712, Q487 và T564, Q487 và D590, Q487 và A649, V550 và D590, S556 và T564, S556 và D590, S556 và A649, T564 và D590, T564 và L712, D590 và A649, D590 và L712, và A649 và L712.

Theo phương án thứ 29 của khía cạnh thứ nhất mà cũng là một phương án trong số phương án thứ 28 của khía cạnh thứ nhất, cặp gồm hai vị trí axit amin được chọn từ nhóm bao gồm 114 và 118, 114 và 304, 114 và 357, 114 và 383, 114 và 590, 114 và 712, 118 và 304, 118 và 357, 118 và 383, 118 và 556, 118 và 564, 118 và 590, 118 và 712, 225 và 304, 225 và 383, 225 và 487, 225 và 550, 225 và 556, 225 và 590, 304 và 323, 304 và 357, 304 và 383, 304 và 487, 304 và 556, 304 và 564, 304 và 590, 304 và 712, 323 và 357, 323 và 487, 323 và 556, 323 và 564, 323 và 590, 323 và 649, 349 và 383, 349 và 590, 357 và 383, 357 và 590, 357 và 705, 357 và 712, 383 và 487, 383 và 550, 383 và 556, 383 và 564, 383 và 590, 383 và 649, 383 và 712, 487 và 564, 487 và 590, 487 và 649, 550 và 590, 556 và 564, 556 và 590, 556 và 649, 564 và 590, 564 và 712, 590 và 649, 590 và 712, và 649 và 712, và tốt hơn nếu cặp gồm hai vị trí axit amin được chọn từ nhóm bao gồm L114 và I118, L114 và A304, L114 và G357, L114 và P383, L114 và D590, L114 và L712, I118 và A304, I118 và G357, I118 và P383, I118 và S556, I118 và T564, I118 và D590, I118 và L712, N225 và A304, N225 và P383, N225 và Q487, N225 và V550, N225 và S556, N225 và D590, A304 và T323, A304 và G357, A304 và P383, A304 và Q487, A304 và S556, A304 và T564, A304 và D590, A304 và L712, T323 và G357, T323 và Q487, T323 và S556, T323 và T564, T323 và D590, T323 và A649, F349 và P383, F349 và D590, G357 và P383, G357 và D590, G357 và K705, G357 và L712, P383 và Q487, P383 và V550, P383 và S556, P383 và T564, P383 và D590, P383 và A649, P383 và L712, Q487 và T564, Q487 và D590, Q487 và A649, V550 và D590, S556 và T564, S556 và D590, S556 và A649, T564 và D590, T564 và L712, D590 và A649, D590 và L712, và A649 và L712.

Theo phương án được ưu tiên khác của khía cạnh thứ nhất, mà cũng là một phương án trong số các phương án bất kỳ trước của khía cạnh thứ nhất, cặp gồm hai vị trí axit amin được chọn từ nhóm bao gồm 114 và 118, 114 và 304, 114 và 357, 114 và 383,

114 và 590, 114 và 712, 118 và 304, 118 và 357, 118 và 383, 118 và 556, 118 và 564, 118 và 590, 118 và 712, 225 và 304, 225 và 383, 225 và 487, 225 và 550, 225 và 556, 225 và 590, 304 và 323, 304 và 357, 304 và 383, 304 và 487, 304 và 556, 304 và 564, 304 và 590, 304 và 712, 323 và 357, 323 và 487, 323 và 556, 323 và 564, 323 và 590, 349 và 383, 349 và 590, 357 và 383, 357 và 590, 357 và 705, 357 và 712, 383 và 487, 383 và 550, 383 và 556, 383 và 564, 383 và 590, 383 và 712, 487 và 564, 487 và 590, 550 và 590, 556 và 564, 556 và 590, 564 và 590, 564 và 712, và 590 và 712, và tốt hơn nếu cặp gồm hai vị trí axit amin được chọn từ nhóm bao gồm L114 và I118, L114 và A304, L114 và G357, L114 và P383, L114 và D590, L114 và L712, I118 và A304, I118 và G357, I118 và P383, I118 và S556, I118 và T564, I118 và D590, I118 và L712, N225 và A304, N225 và P383, N225 và Q487, N225 và V550, N225 và S556, N225 và D590, A304 và T323, A304 và G357, A304 và P383, A304 và Q487, A304 và S556, A304 và T564, A304 và D590, A304 và L712, T323 và G357, T323 và Q487, T323 và S556, T323 và T564, T323 và D590, F349 và P383, F349 và D590, G357 và P383, G357 và D590, G357 và K705, G357 và L712, P383 và Q487, P383 và V550, P383 và S556, P383 và T564, P383 và D590, P383 và L712, Q487 và T564, Q487 và D590, V550 và D590, S556 và T564, S556 và D590, T564 và D590, T564 và L712, và D590 và L712.

Theo phương án thứ 30 của khía cạnh thứ nhất mà cũng là một phương án trong số phương án thứ 29 của khía cạnh thứ nhất, cặp gồm hai vị trí axit amin được chọn từ nhóm bao gồm 118 và 383, 118 và 556, 118 và 564, 118 và 590, 225 và 304, 225 và 383, 225 và 487, 225 và 550, 225 và 556, 225 và 590, 304 và 323, 304 và 383, 304 và 487, 304 và 556, 304 và 564, 304 và 590, 323 và 357, 323 và 487, 323 và 556, 323 và 564, 323 và 590, 323 và 649, 349 và 383, 349 và 590, 357 và 383, 357 và 590, 383 và 487, 383 và 550, 383 và 556, 383 và 564, 383 và 590, 383 và 649, 383 và 712, 487 và 564, 487 và 590, 487 và 649, 550 và 590, 556 và 564, 556 và 590, 556 và 649, 564 và 590, 564 và 712, 590 và 649, 590 và 712, 649 và 712, và 705 và 712, và tốt hơn nếu cặp gồm hai vị trí axit amin được chọn từ nhóm bao gồm I118 và P383, I118 và S556, I118 và T564, I118 và D590, N225 và A304, N225 và P383, N225 và Q487, N225 và V550, N225 và S556, N225 và D590, A304 và T323, A304 và P383, A304 và Q487, A304 và S556, A304 và T564, A304 và D590, T323 và G357, T323 và Q487, T323 và S556, T323 và T564, T323 và D590, T323 và A649, F349 và P383, F349 và D590, G357 và P383, G357

và D590, P383 và Q487, P383 và V550, P383 và S556, P383 và T564, P383 và D590, P383 và A649, P383 và L712, Q487 và T564, Q487 và D590, Q487 và A649, V550 và D590, S556 và T564, S556 và D590, S556 và A649, T564 và D590, T564 và L712, D590 và A649, D590 và L712, A649 và L712, và K705 và L712.

Theo phương án được ưu tiên khác của khía cạnh thứ nhất, mà cũng là một phương án trong số các phương án bất kỳ trước của khía cạnh thứ nhất, cặp gồm hai vị trí axit amin được chọn từ nhóm bao gồm 118 và 383, 118 và 556, 118 và 564, 118 và 590, 225 và 304, 225 và 383, 225 và 487, 225 và 550, 225 và 556, 225 và 590, 304 và 323, 304 và 383, 304 và 487, 304 và 556, 304 và 564, 304 và 590, 323 và 357, 323 và 487, 323 và 556, 323 và 564, 323 và 590, 349 và 383, 349 và 590, 357 và 383, 357 và 590, 383 và 487, 383 và 550, 383 và 556, 383 và 564, 383 và 590, 383 và 712, 487 và 564, 487 và 590, 550 và 590, 556 và 564, 556 và 590, 564 và 590, 564 và 712, 590 và 712, và 705 và 712, và tốt hơn nếu cặp gồm hai vị trí axit amin được chọn từ nhóm bao gồm I118 và P383, I118 và S556, I118 và T564, I118 và D590, N225 và A304, N225 và P383, N225 và Q487, N225 và V550, N225 và S556, N225 và D590, A304 và T323, A304 và P383, A304 và Q487, A304 và S556, A304 và T564, A304 và D590, T323 và G357, T323 và Q487, T323 và S556, T323 và T564, T323 và D590, F349 và P383, F349 và D590, G357 và P383, G357 và D590, P383 và Q487, P383 và V550, P383 và S556, P383 và T564, P383 và D590, P383 và L712, Q487 và T564, Q487 và D590, V550 và D590, S556 và T564, S556 và D590, T564 và D590, T564 và L712, D590 và L712, và K705 và L712.

Theo phương án thứ 31 của khía cạnh thứ nhất mà cũng là một phương án trong số phương án thứ 29 của khía cạnh thứ nhất, cặp gồm hai vị trí axit amin được chọn từ nhóm bao gồm 114 và 118, 114 và 383, 114 và 712, 118 và 383, 118 và 556, 118 và 590, 118 và 712, 225 và 304, 225 và 383, 225 và 550, 225 và 590, 304 và 383, 304 và 556, 304 và 590, 323 và 556, 323 và 590, 323 và 649, 349 và 383, 349 và 590, 357 và 383, 357 và 590, 383 và 487, 383 và 550, 383 và 556, 383 và 564, 383 và 590, 383 và 649, 383 và 712,556 và 564, 556 và 590, 564 và 590, 564 và 712, 590 và 649, và 590 và 712, và tốt hơn nếu cặp gồm hai vị trí axit amin được chọn từ nhóm bao gồm L114 và I118, L114 và P383, L114 và L712, I118 và P383, I118 và S556, I118 và D590, I118 và L712, N225 và A304, N225 và P383, N225 và V550, N225 và D590, A304 và P383, A304 và S556,

A304 và D590, T323 và S556, T323 và D590, T323 và A649, F349 và P383, F349 và D590, G357 và P383, G357 và D590, P383 và Q487, P383 và V550, P383 và S556, P383 và T564, P383 và D590, P383 và A649, P383 và L712, S556 và T564, S556 và D590, T564 và D590, T564 và L712, D590 và A649, và D590 và L712.

Theo phương án được ưu tiên khác của khía cạnh thứ nhất, mà cũng là một phương án trong số các phương án bất kỳ trước của khía cạnh thứ nhất, cặp gồm hai vị trí axit amin được chọn từ nhóm bao gồm 114 và 118, 114 và 383, 114 và 712, 118 và 383, 118 và 556, 118 và 590, 118 và 712, 225 và 304, 225 và 383, 225 và 550, 225 và 590, 304 và 383, 304 và 556, 304 và 590, 323 và 556, 323 và 590, 349 và 383, 349 và 590, 357 và 383, 357 và 590, 383 và 487, 383 và 550, 383 và 556, 383 và 564, 383 và 590, 383 và 712, 556 và 564, 556 và 590, 564 và 590, 564 và 712, và 590 và 712, và tốt hơn nếu cặp gồm hai vị trí axit amin được chọn từ nhóm bao gồm L114 và I118, L114 và P383, L114 và L712, I118 và P383, I118 và S556, I118 và D590, I118 và L712, N225 và A304, N225 và P383, N225 và V550, N225 và D590, A304 và P383, A304 và S556, A304 và D590, T323 và S556, T323 và D590, F349 và P383, F349 và D590, G357 và P383, G357 và D590, P383 và Q487, P383 và V550, P383 và S556, P383 và T564, P383 và D590, P383 và L712, S556 và T564, S556 và D590, T564 và D590, T564 và L712, và D590 và L712.

Theo phương án thứ 32 của khía cạnh thứ nhất mà cũng là một phương án trong số phương án thứ 29 của khía cạnh thứ nhất, cặp gồm hai vị trí axit amin được chọn từ nhóm bao gồm 114 và 118, 114 và 304, 114 và 357, 114 và 383, 114 và 590, 114 và 712, 118 và 304, 118 và 357, 118 và 383, 118 và 556, 118 và 590, 118 và 712, 225 và 383, 304 và 357, 304 và 383, 304 và 590, 304 và 712, 323 và 590, 349 và 383, 349 và 590, 357 và 383, 357 và 590, 357 và 705, 357 và 712, 383 và 487, 383 và 550, 383 và 556, 383 và 564, 383 và 590, 383 và 649, 383 và 712, 556 và 590, 564 và 590, 590 và 649, và 590 và 712, và tốt hơn nếu cặp gồm hai vị trí axit amin được chọn từ nhóm bao gồm L114 và I118, L114 và A304, L114 và G357, L114 và P383, L114 và D590, L114 và L712, I118 và A304, I118 và G357, I118 và P383, I118 và S556, I118 và D590, I118 và L712, N225 và P383, A304 và G357, A304 và P383, A304 và D590, A304 và L712, T323 và D590, F349 và P383, F349 và D590, G357 và P383, G357 và D590, G357 và K705, G357 và L712, P383 và Q487, P383 và V550, P383 và S556, P383 và T564, P383 và D590, P383

và A649, P383 và L712, S556 và D590, T564 và D590, D590 và A649, và D590 và L712.

Theo phương án được ưu tiên khác của khía cạnh thứ nhất, mà cũng là một phương án trong số các phương án bất kỳ trước của khía cạnh thứ nhất, cặp gồm hai vị trí axit amin được chọn từ nhóm bao gồm 114 và 118, 114 và 304, 114 và 357, 114 và 383, 114 và 590, 114 và 712, 118 và 304, 118 và 357, 118 và 383, 118 và 556, 118 và 590, 118 và 712, 225 và 383, 304 và 357, 304 và 383, 304 và 590, 304 và 712, 323 và 590, 349 và 383, 349 và 590, 357 và 383, 357 và 590, 357 và 705, 357 và 712, 383 và 487, 383 và 550, 383 và 556, 383 và 564, 383 và 590, 383 và 712, 556 và 590, 564 và 590, và 590 và 712, và tốt hơn nếu cặp gồm hai vị trí axit amin được chọn từ nhóm bao gồm L114 và I118, L114 và A304, L114 và G357, L114 và P383, L114 và D590, L114 và L712, I118 và A304, I118 và G357, I118 và P383, I118 và S556, I118 và D590, I118 và L712, N225 và P383, A304 và G357, A304 và P383, A304 và D590, A304 và L712, T323 và D590, F349 và P383, F349 và D590, G357 và P383, G357 và D590, G357 và K705, G357 và L712, P383 và Q487, P383 và V550, P383 và S556, P383 và T564, P383 và D590, P383 và L712, S556 và D590, T564 và D590, và D590 và L712.

Theo phương án được ưu tiên khác của khía cạnh thứ nhất, mà cũng là một phương án trong số các phương án bất kỳ trước của khía cạnh thứ nhất, cặp gồm hai vị trí axit amin được chọn từ nhóm bao gồm 118 và 383, 118 và 590, 225 và 383, 225 và 590, 304 và 383, 304 và 590, 323 và 590, 349 và 383, 349 và 590, 357 và 383, 357 và 590, 383 và 487, 383 và 550, 383 và 556, 383 và 564, 383 và 590, 383 và 649, 383 và 712, 487 và 590, 550 và 590, 556 và 590, 564 và 590, 590 và 649, 590 và 712 và tốt hơn nếu cặp gồm hai vị trí axit amin được chọn từ nhóm bao gồm I118 và P383, I118 và D590, N225 và P383, N225 và D590, A304 và P383, A304 và D590, T323 và D590, F349 và P383, F349 và D590, G357 và P383, G357 và D590, P383 và Q487, P383 và V550, P383 và S556, P383 và T564, P383 và D590, P383 và A649, P383 và L712, Q487 và D590, V550 và D590, S556 và D590, T564 và D590, D590 và A649, D590 và L712.

Theo phương án thứ 33 của khía cạnh thứ nhất mà cũng là một phương án trong số các phương án thứ bảy, thứ tám, thứ chín, thứ mười, thứ mười một, thứ mười hai, thứ 13, thứ 14, thứ 15, thứ 16, thứ 17, thứ 18, thứ 19, thứ 20, thứ 21, thứ 22, thứ 23, thứ 24, thứ 25, thứ 26, thứ 27, thứ 28, thứ 29, thứ 30, thứ 31 và thứ 32 hoặc phương án trước bất kỳ

khác của khía cạnh thứ nhất, tốt hơn là trong số các phương án thứ 26, thứ 27, thứ 28, thứ 29, thứ 30, thứ 31 và thứ 32 hoặc phương án trước bất kỳ khác của khía cạnh thứ nhất, ngoài thay thế ở hai vị trí axit amin, trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza có thay thế axit amin ở ít nhất là một hoặc nhiều vị trí axit amin bổ sung, trong đó một hoặc nhiều vị trí axit amin bổ sung được chọn từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin 712, 383, 10, 114, 118, 192, 197, 220, 225, 304, 306, 318, 323, 339, 349, 357, 459, 476, 481, 484, 487, 488, 506, 511, 526, 530, 532, 533, 537, 550, 556, 564, 590, 649, 667, 703 và 705 của SEQ ID NO: 1, tốt hơn là, ngoài thay thế ở hai vị trí axit amin, trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza có thay thế axit amin ở ít nhất là một hoặc nhiều vị trí axit amin bổ sung, trong đó một hoặc nhiều vị trí axit amin bổ sung được chọn một cách độc lập và riêng rẽ từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin 712, 383, 10, 114, 118, 192, 197, 220, 225, 304, 306, 318, 323, 339, 349, 357, 459, 476, 481, 484, 487, 488, 506, 511, 526, 530, 532, 533, 537, 550, 556, 564, 590, 649, 667, 703 và 705 của SEQ ID NO: 1.

Theo phương án thứ 34 của khía cạnh thứ nhất mà cũng là một phương án trong số phương án thứ 33 của khía cạnh thứ nhất, một hoặc nhiều vị trí axit amin bổ sung được chọn từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin L712, P383, V10, L114, I118, S192, S197, Y220, N225, A304, D306, P318, T323, L339, F349, G357, A459, Q476, E481, A484, Q487, K488, A506, A511, R526, E530, G532, D533, D537, V550, S556, T564, D590, A649, R667, A703 và K705 của SEQ ID NO:1, tốt hơn là một hoặc nhiều vị trí axit amin bổ sung được chọn một cách độc lập và riêng rẽ từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin L712, P383, V10, L114, I118, S192, S197, Y220, N225, A304, D306, P318, T323, L339, F349, G357, A459, Q476, E481, A484, Q487, K488, A506, A511, R526, E530, G532, D533, D537, V550, S556, T564, D590, A649, R667, A703 và K705 của SEQ ID NO:1.

Theo phương án thứ 35 của khía cạnh thứ nhất mà cũng là một phương án trong số phương án thứ 33 của khía cạnh thứ nhất, một hoặc nhiều vị trí axit amin bổ sung được chọn từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin 712, 383, 10, 114, 118, 220, 225, 304, 318, 323, 349, 357, 481, 487, 488, 506, 511, 550, 556, 564, 590, 649, 703 và 705 của SEQ ID NO: 1, tốt hơn là một hoặc nhiều vị trí axit amin bổ sung được chọn một cách độc lập và riêng rẽ từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin 712, 383, 10, 114, 118, 220, 225, 304, 318, 323, 349, 357, 481, 487, 488, 506, 511, 550, 556, 564, 590, 649, 703 và 705 của SEQ ID NO:1.

Theo phương án thứ 36 của khía cạnh thứ nhất mà cũng là một phương án trong số phương án thứ 35 của khía cạnh thứ nhất, một hoặc nhiều vị trí axit amin bổ sung được chọn từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin L712, P383, V10, L114, I118, Y220, N225, A304, P318, T323, F349, G357, E481, Q487, K488, A506, A511, V550, S556, T564, D590, A649, A703 và K705, của SEQ ID NO:1, tốt hơn là một hoặc nhiều vị trí axit amin bổ sung được chọn một cách độc lập và riêng rẽ từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin L712, P383, V10, L114, I118, Y220, N225, A304, P318, T323, F349, G357, E481, Q487, K488, A506, A511, V550, S556, T564, D590, A649, A703 và K705 của SEQ ID NO:1.

Theo phương án thứ 37 của khía cạnh thứ nhất mà cũng là một phương án trong số phương án thứ 33 của khía cạnh thứ nhất, một hoặc nhiều vị trí axit amin bổ sung được chọn từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin 712, 383, 10, 114, 118, 225, 304, 323, 349, 357, 487, 550, 556, 564, 590 và 649 của SEQ ID NO:1, tốt hơn là một hoặc nhiều vị trí axit amin bổ sung được chọn một cách độc lập và riêng rẽ từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin 712, 383, 10, 114, 118, 225, 304, 323, 349, 357, 487, 550, 556, 564, 590 và 649 của SEQ ID NO:1.

Theo phương án thứ 38 của khía cạnh thứ nhất mà cũng là một phương án trong số phương án thứ 37 của khía cạnh thứ nhất, một hoặc nhiều vị trí axit amin bổ sung được chọn từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin L712, P383, V10, L114, I118, N225, A304, T323, F349, G357, Q487, V550, S556, T564, D590 và A649 của SEQ ID NO:1, tốt hơn là một hoặc nhiều vị trí axit amin bổ sung được chọn một cách độc lập và riêng rẽ từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin L712, P383, V10, L114, I118, N225, A304, T323, F349, G357, Q487, V550, S556, T564, D590 và A649 của SEQ ID NO:1.

Theo phương án thứ 39 của khía cạnh thứ nhất mà cũng là một phương án trong số phương án thứ 33 của khía cạnh thứ nhất, trong đó một hoặc nhiều vị trí axit amin bổ sung được chọn từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin 712, 383, 114, 118, 225, 304, 323, 349, 357, 487, 550, 556, 564, 590 và 649 của SEQ ID NO: 1, tốt hơn là một hoặc nhiều vị trí axit amin bổ sung được chọn một cách độc lập và riêng rẽ từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin 712, 383, 114, 118, 225, 304, 323, 349, 357, 487, 550, 556, 564, 590 và 649 của SEQ ID NO: 1.

Theo phương án thứ 40 của khía cạnh thứ nhất mà cũng là một phương án trong số phương án thứ 39 của khía cạnh thứ nhất, một hoặc nhiều vị trí axit amin bổ sung được chọn từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin L712, P383, L114, I118, N225, A304, T323, F349, G357, Q487, V550, S556, T564, D590 và A649 của SEQ ID NO: 1, tốt hơn là một hoặc nhiều vị trí axit amin bổ sung được chọn một cách độc lập và riêng rẽ từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin L712, P383, L114, I118, N225, A304, T323, F349, G357, Q487, V550, S556, T564, D590 và A649 của SEQ ID NO: 1.

Theo phương án thứ 41 của khía cạnh thứ nhất mà cũng là một phương án trong số phương án thứ 33 của khía cạnh thứ nhất, một hoặc nhiều vị trí axit amin bổ sung được chọn từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin 712, 383, 114, 118, 225, 304, 357, 487, 556, và 590 của SEQ ID NO: 1, tốt hơn là một hoặc nhiều vị trí axit amin bổ sung được chọn một cách độc lập và riêng rẽ từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin 712, 383, 114, 118, 225, 304, 357, 487, 556, và 590 của SEQ ID NO: 1.

Theo phương án thứ 42 của khía cạnh thứ nhất mà cũng là một phương án trong số phương án thứ 41 của khía cạnh thứ nhất, một hoặc nhiều vị trí axit amin bổ sung được chọn từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin L712, P383, L114, I118, N225, A304, G357, Q487, S556, và D590 của SEQ ID NO: 1, tốt hơn là một hoặc nhiều vị trí axit amin bổ sung được chọn một cách độc lập và riêng rẽ từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin L712, P383, L114, I118, N225, A304, G357, Q487, S556, và D590 của SEQ ID NO: 1.

Theo phương án được ưu tiên khác của khía cạnh thứ nhất, mà cũng là một phương án trong số các phương án bất kỳ trước của khía cạnh thứ nhất, trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza chứa thay thế axit amin ở vị trí axit amin 383, và 590 của SEQ ID NO: 1, tốt hơn là ở vị trí axit amin P383, và D590 của SEQ ID NO: 1, và trong đó trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza còn chứa thay thế axit amin ở các vị trí axit amin dưới đây của SEQ ID NO: 1

(i) 114, 118, 304, 357, và 712, tốt hơn là L114, I118, A304, G357, và L712, hoặc

(ii) 114, 118, 304, 357, 550, 556, và 712, tốt hơn là L114, I118, A304, G357, V550, S556, và L712, hoặc

(iii) 114, 118, 225, 304, 357, 487, 564, và 712, tốt hơn là L114, I118, N225, A304, G357, Q487, T564, và L712, hoặc

(iv) 114, 118, 304, 323, 357, 550, 564, và 712, tốt hơn là L114, I118, A304, T323, G357, V550, T564, và L712, hoặc

(v) 114, 118, 225, 304, 323, 357, 487, và 712, tốt hơn là L114, I118, N225, A304, T323, G357, Q487, và L712, hoặc

(vi) 114, 118, 225, 304, 357, 487, 550, 556, và 712, tốt hơn là L114, I118, N225, A304, G357, Q487, V550, S556, và L712, hoặc

(vii) 114, 118, 225, 304, 357, 487, 550, 564, và 712, tốt hơn là L114, I118, N225, A304, G357, Q487, V550, T564, và L712, hoặc

(viii) 114, 118, 225, 304, 357, 550, 556, 564, và 712, tốt hơn là L114, I118, N225, A304, G357, V550, S556, T564, và L712, hoặc

(ix) 114, 118, 225, 304, 357, 550, 564, và 712, tốt hơn là L114, I118, N225, A304, G357, V550, T564, và L712, hoặc

(x) 114, 118, 304, 323, 357, 550, 556, 564, và 712, tốt hơn là L114, I118, A304, T323, G357, V550, S556, T564, và L712, hoặc

(xi) 114, 118, 304, 323, 357, 487, 550, 649, và 712, tốt hơn là L114, I118, A304, T323, G357, Q487, V550, A649, và L712, hoặc

(xii) 114, 118, 225, 304, 357, 487, 550, 556, 564, và 712, tốt hơn là L114, I118, N225, A304, G357, Q487, V550, S556, T564, và L712, hoặc

(xiii) 114, 118, 225, 304, 357, 550, 556, 564, 649, và 712, tốt hơn là L114, I118, N225, A304, G357, V550, S556, T564, A649, và L712, hoặc

(xiv) 114, 118, 225, 304, 323, 357, 487, 550, 564, và 712, tốt hơn là L114, I118, N225, A304, T323, G357, Q487, V550, T564, và L712, hoặc

(xv) 114, 118, 225, 304, 323, 357, 487, 550, 649, và 712, tốt hơn là L114, I118, N225, A304, T323, G357, Q487, V550, A649, và L712, hoặc

(xvi) 114, 118, 225, 304, 323, 357, 487, 550, 556, và 712, tốt hơn là L114, I118, N225, A304, T323, G357, Q487, V550, S556, và L712, hoặc

(xvii) 114, 118, 225, 304, 323, 357, 550, 556, 564, và 712, tốt hơn là L114, I118, N225, A304, T323, G357, V550, S556, T564, và L712, hoặc

(xviii) 114, 118, 304, 323, 349, 357, 487, 550, 649, và 712, tốt hơn là L114, I118, A304, T323, F349, G357, Q487, V550, A649, và L712, hoặc

(xix) 114, 118, 304, 323, 357, 487, 550, 556, 564, và 712, tốt hơn là L114, I118, A304, T323, G357, Q487, V550, S556, T564, và L712, hoặc

(xx) 114, 118, 304, 357, 487, 550, 556, 564, 649, và 712, tốt hơn là L114, I118, A304, G357, Q487, V550, S556, T564, A649, và L712, hoặc

(xxi) 114, 118, 225, 304, 323, 349, 357, 550, 556, 649, và 712, tốt hơn là L114, I118, N225, A304, T323, F349, G357, V550, S556, A649, và L712, hoặc

(xxii) 114, 118, 225, 304, 323, 357, 487, 550, 556, 649, và 712, tốt hơn là L114, I118, N225, A304, T323, G357, Q487, V550, S556, A649, và L712, hoặc

(xxiii) 114, 118, 225, 304, 349, 357, 487, 550, 556, 564, và 712, tốt hơn là L114, I118, N225, A304, F349, G357, Q487, V550, S556, T564, và L712, hoặc

(xxiv) 114, 118, 225, 304, 349, 357, 487, 550, 564, 649, và 712, tốt hơn là L114, I118, N225, A304, F349, G357, Q487, V550, T564, A649, và L712, hoặc

(xxv) 114, 118, 225, 304, 323, 349, 357, 487, 550, 556, 564, 649, và 712, tốt hơn là L114, I118, N225, A304, T323, F349, G357, Q487, V550, S556, T564, A649, và L712, hoặc

(xxvi) 114, 118, 225, 304, 357, 487, 550, 556, 564, 649, và 712, tốt hơn là L114, I118, N225, A304, G357, Q487, V550, S556, T564, A649, và L712, hoặc

(xxvii) 114, 118, 304, 323, 357, 487, 550, 556, 564, 649, và 712, tốt hơn là L114, I118, A304, T323, G357, Q487, V550, S556, T564, A649, và L712, hoặc

(xxviii) 114, 118, 225, 304, 323, 357, 487, 550, 556, 564, 649, và 712, tốt hơn là L114, I118, N225, A304, T323, G357, Q487, V550, S556, T564, A649, và L712, hoặc

(xxix) 114, 118, 225, 304, 323, 349, 357, 487, 550, 556, 564, 649, và 712, tốt hơn là L114, I118, N225, A304, T323, F349, G357, Q487, V550, S556, T564, A649, và L712, hoặc

(xxx) 114, 225, 304, 323, 357, 487, 550, 556, 564, 649, và 712, tốt hơn là L114, N225, A304, T323, G357, Q487, V550, S556, T564, A649, và L712, hoặc

(xxxi) 114, 118, 225, 323, 357, 487, 550, 556, 564, 649, và 712, tốt hơn là L114, I118, N225, T323, G357, Q487, V550, S556, T564, A649, và L712, hoặc

(xxxii) 114, 118, 225, 304, 323, 349, 487, 550, 556, 564, 649, và 712, tốt hơn là L114, I118, N225, A304, T323, F349, Q487, V550, S556, T564, A649, và L712, hoặc

(xxxiii) 114, 118, 225, 304, 323, 349, 357, 487, 550, 556, 564, và 649, tốt hơn là L114, I118, N225, A304, T323, F349, G357, Q487, V550, S556, T564, và A649.

Theo phương án được ưu tiên khác của khía cạnh thứ nhất, mà cũng là một phương án trong số các phương án bất kỳ trước của khía cạnh thứ nhất, trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza chứa một hoặc nhiều thay thế axit amin bổ sung ở vị trí axit amin được chọn từ nhóm bao gồm các vị trí 712, 10, 114, 118, 192, 197, 220, 225, 304, 306, 318, 323, 339, 349, 357, 459, 476, 481, 484, 487, 488, 506, 511, 526, 530, 532, 533, 537, 550, 556, 564, 649, 667, 703 và 705 của SEQ ID NO: 1, tốt hơn được chọn từ nhóm bao gồm các vị trí L712, V10, L114, I118, S192, S197, Y220, N225, A304, D306, P318, T323, L339, F349, G357, A459, Q476, E481, A484, Q487, K488, A506, A511, R526, E530, G532, D533, D537, V550, S556, T564, A649, R667, A703 và K705 của SEQ ID NO: 1.

Theo phương án được ưu tiên khác của khía cạnh thứ nhất, mà cũng là một phương án trong số các phương án bất kỳ trước của khía cạnh thứ nhất, trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza có thay thế axit amin ở ba vị trí axit amin của SEQ ID NO: 1, tốt hơn là ở bốn vị trí axit amin của SEQ ID NO: 1, tốt hơn nữa ở năm vị trí axit amin của SEQ ID NO: 1, và tốt nhất là ở sáu vị trí axit amin của SEQ ID NO: 1, trong đó từng và mọi vị trí trong số các vị trí axit amin của SEQ ID NO: 1 được chọn từ nhóm bao gồm 712, 383, 114, 118, 225, 304, 357, 487, 556, và 590.

Theo phương án được ưu tiên khác của khía cạnh thứ nhất, mà cũng là một phương án trong số các phương án bất kỳ trước của khía cạnh thứ nhất, trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza có thay thế axit amin ở ba vị trí axit amin của SEQ ID NO: 1, tốt hơn là ở bốn vị trí axit amin của SEQ ID NO: 1, tốt hơn nữa ở năm vị trí axit amin của SEQ ID NO: 1, và tốt nhất là ở sáu vị trí axit amin của SEQ ID NO: 1, trong đó từng và mọi vị trí trong số các vị trí axit amin của SEQ ID NO: 1 được chọn từ nhóm bao gồm L712, P383, L114, I118, N225, A304, G357, Q487, S556, và D590.

Theo phương án thứ 43 của khía cạnh thứ nhất mà cũng là một phương án trong số các phương án thứ nhất, thứ hai, thứ ba, thứ tư, thứ năm, thứ sáu, thứ bảy, thứ tám, thứ chín, thứ mười, thứ mười một, thứ mười hai, thứ 13, thứ 14, thứ 15, thứ 16, thứ 17, thứ 18, thứ 19, thứ 20, thứ 21, thứ 22, thứ 23, thứ 24, thứ 25, thứ 26, thứ 27, thứ 28, thứ 29,

thứ 30, thứ 31, thứ 32, thứ 33, thứ 34, thứ 35, thứ 36, thứ 37, thứ 38, thứ 39, thứ 40, thứ 41 và thứ 42 hoặc phương án trước bất kỳ khác của khía cạnh thứ nhất, tốt hơn là trong số các phương án thứ 26, thứ 27, thứ 28, thứ 29, thứ 30, thứ 31, thứ 32, thứ 33, thứ 34, thứ 35, thứ 36, thứ 37, thứ 38, thứ 39, thứ 40, thứ 41 và thứ 42 hoặc phương án trước bất kỳ khác của khía cạnh thứ nhất, tốt hơn nữa trong số các phương án thứ 29, thứ 30, thứ 31, thứ 32, thứ 33, thứ 34, thứ 35, thứ 36, thứ 37, thứ 38, thứ 39, thứ 40, thứ 41 và thứ 42 hoặc phương án trước bất kỳ khác của khía cạnh thứ nhất, trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza có thay thế axit amin ở ba vị trí axit amin của SEQ ID NO: 1, tốt hơn là ở bốn vị trí axit amin của SEQ ID NO: 1, tốt hơn nữa ở năm vị trí axit amin của SEQ ID NO: 1, và tốt nhất là ở sáu vị trí axit amin của SEQ ID NO: 1, trong đó từng và mọi vị trí trong số các vị trí axit amin của SEQ ID NO: 1 được chọn từ nhóm bao gồm 712, 383, 114, 118, 304 và 357.

Theo phương án thứ 44 của khía cạnh thứ nhất mà cũng là một phương án trong số phương án thứ 43 của khía cạnh thứ nhất, trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza có thay thế axit amin ở ba vị trí axit amin của SEQ ID NO: 1, tốt hơn là ở bốn vị trí axit amin của SEQ ID NO: 1, tốt hơn nữa ở năm vị trí axit amin của SEQ ID NO: 1, và tốt nhất là ở sáu vị trí axit amin của SEQ ID NO: 1, trong đó từng và mọi vị trí trong số các vị trí axit amin của SEQ ID NO: 1 được chọn từ nhóm bao gồm L712, P383, L114, I118, A304 và G357.

Theo phương án thứ 45 của khía cạnh thứ nhất mà cũng là một phương án trong số phương án thứ 43 và thứ 44 của khía cạnh thứ nhất, trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza có thay thế axit amin ở bốn vị trí axit amin của SEQ ID NO: 1, trong đó từng và mọi vị trí trong số các vị trí axit amin của SEQ ID NO: 1 được chọn từ nhóm bao gồm 712, 383, 114, 118, 304 và 357.

Theo phương án thứ 46 của khía cạnh thứ nhất mà cũng là một phương án trong số phương án thứ 43 và thứ 44 của khía cạnh thứ nhất, trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza có thay thế axit amin ở bốn vị trí axit amin của SEQ ID NO: 1, trong đó từng và mọi vị trí trong số các vị trí axit amin của SEQ ID NO: 1 được chọn từ nhóm bao gồm L712, P383, L114, I118, A304 và G357.

Theo phương án thứ 47 theo khía cạnh thứ nhất mà cũng là một phương án của các phương án thứ 43, thứ 44, thứ 45 và thứ 46 của khía cạnh thứ nhất, trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza có thay thế axit amin ở năm vị trí axit amin của SEQ ID NO: 1, trong đó từng và mọi vị trí trong số các vị trí axit amin của SEQ ID NO: 1 được chọn từ nhóm bao gồm 712, 383, 114, 118, 304 và 357.

Theo phương án thứ 48 của khía cạnh thứ nhất mà cũng là một phương án trong số các phương án thứ 43, thứ 44, thứ 45 và thứ 46 của khía cạnh thứ nhất, trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza có thay thế axit amin ở năm vị trí axit amin của SEQ ID NO: 1, trong đó từng và mọi vị trí trong số các vị trí axit amin của SEQ ID NO: 1 được chọn từ nhóm bao gồm L712, P383, L114, I118, A304 và G357.

Theo phương án thứ 49 của khía cạnh thứ nhất mà cũng là một phương án trong số các phương án thứ 43, thứ 44, thứ 45, thứ 46, thứ 47 và thứ 48 của khía cạnh thứ nhất, trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza có thay thế axit amin ở sáu vị trí axit amin của SEQ ID NO: 1, trong đó từng và mọi vị trí trong số các vị trí axit amin của SEQ ID NO: 1 được chọn từ nhóm bao gồm 712, 383, 114, 118, 304 và 357.

Theo phương án thứ 50 của khía cạnh thứ nhất mà cũng là một phương án trong số các phương án thứ 43, thứ 44, thứ 45, thứ 46, thứ 47 và thứ 48 của khía cạnh thứ nhất, trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza có thay thế axit amin ở sáu vị trí axit amin của SEQ ID NO: 1, trong đó từng và mọi vị trí trong số các vị trí axit amin của SEQ ID NO: 1 được chọn từ nhóm bao gồm L712, P383, L114, I118, A304 và G357.

Theo phương án được ưu tiên khác của khía cạnh thứ nhất, mà cũng là một phương án trong số các phương án bất kỳ trước của khía cạnh thứ nhất, trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza có thay thế axit amin ở ba vị trí axit amin của SEQ ID NO: 1, tốt hơn là ở bốn vị trí axit amin của SEQ ID NO: 1, tốt hơn nữa ở năm vị trí axit amin của SEQ ID NO: 1, và tốt nhất là ở sáu vị trí axit amin của SEQ ID NO: 1, trong đó từng và mọi vị trí trong số các vị trí axit amin của SEQ ID NO: 1 được chọn từ nhóm bao gồm 712, 383, 118, 225, 304, 349, 357, 487, 556, 564, và 590.

Theo phương án được ưu tiên khác của khía cạnh thứ nhất, mà cũng là một phương án trong số các phương án bất kỳ trước của khía cạnh thứ nhất, trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza có thay thế axit amin ở ba vị trí axit amin của SEQ ID NO:

1, tốt hơn là ở bốn vị trí axit amin của SEQ ID NO: 1, tốt hơn nữa ở năm vị trí axit amin của SEQ ID NO: 1, và tốt nhất là ở sáu vị trí axit amin của SEQ ID NO: 1, trong đó từng và mọi vị trí trong số các vị trí axit amin của SEQ ID NO: 1 được chọn từ nhóm bao gồm 712, 383, 225, 304, 349, 556, và 590.

Theo phương án được ưu tiên khác của khía cạnh thứ nhất, mà cũng là một phương án trong số các phương án bất kỳ trước của khía cạnh thứ nhất, trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza có thay thế axit amin ở ba vị trí axit amin của SEQ ID NO: 1, tốt hơn là ở bốn vị trí axit amin của SEQ ID NO: 1, tốt hơn nữa ở năm vị trí axit amin của SEQ ID NO: 1, trong đó từng và mọi vị trí trong số các vị trí axit amin của SEQ ID NO: 1 được chọn từ nhóm bao gồm 383, 225, 304, 556, và 590.

Theo phương án được ưu tiên khác của khía cạnh thứ nhất, mà cũng là một phương án trong số các phương án bất kỳ trước của khía cạnh thứ nhất, trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza có thay thế axit amin ở ba vị trí axit amin của SEQ ID NO: 1, trong đó từng và mọi vị trí trong số các vị trí axit amin của SEQ ID NO: 1 được chọn từ nhóm bao gồm 383, 556, và 590.

Theo phương án được ưu tiên khác của khía cạnh thứ nhất, mà cũng là một phương án trong số các phương án bất kỳ trước của khía cạnh thứ nhất, trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza có thay thế axit amin ở ba vị trí axit amin của SEQ ID NO: 1, tốt hơn là ở bốn vị trí axit amin của SEQ ID NO: 1, tốt hơn nữa ở năm vị trí axit amin của SEQ ID NO: 1, và tốt nhất là ở sáu vị trí axit amin của SEQ ID NO: 1, trong đó từng và mọi vị trí trong số các vị trí axit amin của SEQ ID NO: 1 được chọn từ nhóm bao gồm L712, P383, I118, N225, A304, F349, G357, Q487, S556, T564, và D590.

Theo phương án thứ 51 của khía cạnh thứ nhất mà cũng là một phương án trong số các phương án thứ 33, thứ 34, thứ 35, thứ 36, thứ 37, thứ 38, thứ 39, thứ 40, thứ 41, thứ 42, thứ 43, thứ 44, thứ 45, thứ 46, thứ 47, thứ 48, thứ 49 và thứ 50 hoặc phương án trước bất kỳ khác của khía cạnh thứ nhất, trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza chứa

(a) thay thế axit amin ở bốn vị trí axit amin 712, 383, 114 và 118 của SEQ ID NO: 1, và/hoặc 383, 487, 556, và 590 của SEQ ID NO: 1; và/hoặc 383, 225, 556, và 590 của SEQ ID NO: 1; hoặc

(b) thay thế axit amin ở năm vị trí axit amin 712, 383, 114, 118 và 304 của SEQ ID NO: 1; và/hoặc 712, 383, 114, 118 và 357 của SEQ ID NO: 1; và/hoặc 383, 225, 304, 556, và 590 của SEQ ID NO: 1; và/hoặc 383, 225, 487, 556, và 590 của SEQ ID NO: 1; hoặc

(c) thay thế axit amin ở sáu vị trí axit amin 712, 383, 114, 118, 304 và 357 của SEQ ID NO: 1; và/hoặc 383, 225, 304, 487, 556, và 590 của SEQ ID NO: 1; hoặc

(d) thay thế axit amin ở ba vị trí axit amin 383, 556, và 590 của SEQ ID NO: 1.

Theo phương án thứ 52 của khía cạnh thứ nhất mà cũng là một phương án trong số các phương án thứ 33, thứ 34, thứ 35, thứ 36, thứ 37, thứ 38, thứ 39, thứ 40, thứ 41, thứ 42, thứ 43, thứ 44, thứ 45, thứ 46, thứ 47, thứ 48, thứ 49 và thứ 50 hoặc phương án trước bất kỳ khác của khía cạnh thứ nhất, trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza chứa

(a) thay thế axit amin ở bốn vị trí axit amin 712, 383, 114 và 118 của SEQ ID NO: 1; và/hoặc 383, 487, 556, và 590 của SEQ ID NO: 1; và/hoặc 383, 225, 556, và 590 của SEQ ID NO: 1, và tốt hơn nếu ở bốn vị trí axit amin L712, P383, L114 và I118 của SEQ ID NO: 1; và/hoặc P383, Q487, S556, và D590 của SEQ ID NO: 1; và/hoặc P383, N225, S556, và D590 của SEQ ID NO: 1; hoặc

(b) thay thế axit amin ở năm vị trí axit amin 712, 383, 114, I118 và 304 của SEQ ID NO: 1; và/hoặc 712, 383, 114, 118 và 357 của SEQ ID NO: 1; và/hoặc 383, 225, 304, 556, và 590 của SEQ ID NO: 1; và/hoặc 383, 225, 487, 556, và 590 của SEQ ID NO: 1, tốt hơn là ở năm vị trí axit amin L712, P383, L114, I118 và A304 của SEQ ID NO: 1; và/hoặc L712, P383, L114, I118 và G357 của SEQ ID NO: 1; và/hoặc P383, N225, A304, S556, và D590 của SEQ ID NO: 1; và/hoặc P383, N225, Q487, S556, và D590 của SEQ ID NO: 1; hoặc

(c) thay thế axit amin 712, 383, 114, 118, 304 và 357 của SEQ ID NO: 1; và/hoặc 383, 225, 304, 487, 556, và 590 của SEQ ID NO: 1, tốt hơn là ở sáu vị trí axit amin L712, P383, L114, I118, A304 và G357 của SEQ ID NO: 1; và/hoặc P383, N225, A304, Q487, S556, và D590 của SEQ ID NO: 1, hoặc

(d) thay thế axit amin ở ba vị trí axit amin 383, 556, và 590, tốt hơn là ở ba vị trí axit amin P383, S556, và D590 của SEQ ID NO: 1.

Theo phương án thứ 53 của khía cạnh thứ nhất mà cũng là một phương án trong số các phương án thứ 43, thứ 44, thứ 45, thứ 46, thứ 47, thứ 48, thứ 49, thứ 50, thứ 51 và thứ 52 hoặc phương án trước bất kỳ khác của khía cạnh thứ nhất, trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza chứa trình tự axit amin của SEQ ID NO: 14.

Theo phương án thứ 54 của khía cạnh thứ nhất mà cũng là một phương án trong số các phương án thứ 43, thứ 44, thứ 45, thứ 46, thứ 47, thứ 48, thứ 49, thứ 50, thứ 51 và thứ 52 hoặc phương án trước bất kỳ khác của khía cạnh thứ nhất, trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza bao gồm trình tự axit amin của SEQ ID NO: 14.

Theo phương án được ưu tiên khác của khía cạnh thứ nhất, mà cũng là một phương án trong số các phương án bất kỳ trước của khía cạnh thứ nhất, trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza chứa thay thế axit amin ở một hoặc nhiều vị trí axit amin khác nữa, trong đó một hoặc nhiều vị trí axit amin khác nữa được chọn một cách độc lập và riêng rẽ từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin 10, 114, 118, 192, 197, 220, 225, 304, 306, 318, 323, 339, 349, 357, 383, 459, 476, 481, 484, 487, 488, 506, 511, 526, 530, 532, 533, 537, 550, 556, 564, 590, 649, 667, 703, 705 và 712 của SEQ ID NO: 1.

Theo phương án được ưu tiên khác của khía cạnh này, mà cũng là một phương án trong số các phương án bất kỳ trước của khía cạnh thứ nhất, một hoặc nhiều vị trí axit amin khác nữa được chọn một cách độc lập và riêng rẽ từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin V10, L114, I118, S192, S197, Y220, N225, A304, D306, P318, T323, L339, F349, G357, A459, Q476, E481, A484, Q487, K488, A506, A511, R526, E530, G532, D533, D537, V550, S556, T564, D590, A649, R667, A703, K705, và L712 của SEQ ID NO: 1.

Theo phương án thứ 55 theo khía cạnh thứ nhất mà cũng là một phương án trong số các phương án thứ 43, thứ 44, thứ 45, thứ 46, thứ 47, thứ 48, thứ 49, thứ 50, thứ 51, thứ 52, thứ 53 và thứ 54 hoặc phương án trước bất kỳ khác của khía cạnh thứ nhất, trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza chứa thay thế axit amin ở một hoặc nhiều vị trí axit amin khác nữa, trong đó một hoặc nhiều vị trí axit amin khác nữa được chọn từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin 10, 192, 197, 220, 225, 304, 306, 318, 323, 339, 349, 357, 459, 476, 481, 484, 487, 488, 506, 511, 526, 530, 532, 533, 537, 550, 556, 564, 590, 649, 667, 703 và 705 của SEQ ID NO: 1, tốt hơn là một hoặc nhiều vị trí axit amin khác nữa được chọn một cách độc lập và riêng rẽ từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin 10, 192, 197, 220, 225, 304, 306, 318, 323, 339, 349, 357, 459, 476, 481, 484, 487, 488, 506, 511, 526, 530, 532, 533, 537, 550, 556, 564, 590, 649, 667, 703 và 705 của SEQ ID NO: 1.

Theo phương án thứ 56 của khía cạnh thứ nhất mà cũng là một phương án trong số phương án thứ 55 của khía cạnh thứ nhất, một hoặc nhiều vị trí axit amin khác nữa được chọn từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin V10, S192, S197, Y220, N225, A304, D306, P318, T323, L339, F349, G357, A459, Q476, E481, A484, Q487, K488, A506, A511, R526, E530, G532, D533, D537, V550, S556, T564, D590, A649, R667, A703 và K705 của SEQ ID NO: 1, tốt hơn là một hoặc nhiều vị trí axit amin khác nữa được chọn một cách độc lập và riêng rẽ từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin V10, S192, S197, Y220, N225, A304, D306, P318, T323, L339, F349, G357, A459, Q476, E481, A484, Q487, K488, A506, A511, R526, E530, G532, D533, D537, V550, S556, T564, D590, A649, R667, A703 và K705 của SEQ ID NO: 1.

Theo phương án thứ 57 của khía cạnh thứ nhất mà cũng là một phương án trong số phương án thứ 55 của khía cạnh thứ nhất, một hoặc nhiều vị trí axit amin khác nữa được chọn từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin 10, 220, 225, 304, 318, 323, 349, 357, 481, 487, 488, 506, 511, 550, 556, 564, 590, 649, 703 và 705 của SEQ ID NO: 1, tốt hơn là một hoặc nhiều vị trí axit amin khác nữa được chọn một cách độc lập và riêng rẽ từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin 10, 220, 225, 304, 318, 323, 349, 357, 481, 487, 488, 506, 511, 550, 556, 564, 590, 649, 703 và 705 của SEQ ID NO: 1.

Theo phương án thứ 58 của khía cạnh thứ nhất mà cũng là một phương án trong số phương án thứ 57 của khía cạnh thứ nhất, một hoặc nhiều vị trí axit amin khác nữa được

chọn từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin V10, Y220, N225, A304, P318, T323, F349, G357, E481, Q487, K488, A506, A511, V550, S556, T564, D590, A649, A703 và K705 của SEQ ID NO: 1, tốt hơn là một hoặc nhiều vị trí axit amin khác nữa được chọn một cách độc lập và riêng rẽ từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin V10, Y220, N225, A304, P318, T323, F349, G357, E481, Q487, K488, A506, A511, V550, S556, T564, D590, A649, A703 và K705 của SEQ ID NO: 1.

Theo phương án thứ 59 của khía cạnh thứ nhất mà cũng là một phương án trong số phương án thứ 55 của khía cạnh thứ nhất, một hoặc nhiều vị trí axit amin khác nữa được chọn từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin 10, 225, 304, 323, 349, 357, 487, 550, 556, 564, 590 và 649 của SEQ ID NO: 1, tốt hơn là một hoặc nhiều vị trí axit amin khác nữa được chọn một cách độc lập và riêng rẽ từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin 10, 225, 304, 323, 349, 357, 487, 550, 556, 564, 590 và 649 của SEQ ID NO: 1.

Theo phương án thứ 60 của khía cạnh thứ nhất mà cũng là một phương án trong số phương án thứ 59 của khía cạnh thứ nhất, một hoặc nhiều vị trí axit amin khác nữa được chọn từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin V10, N225, A304, T323, F349, G357, Q487, V550, S556, T564, D590 và A649 của SEQ ID NO: 1, tốt hơn là một hoặc nhiều vị trí axit amin khác nữa được chọn một cách độc lập và riêng rẽ từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin V10, N225, A304, T323, F349, G357, Q487, V550, S556, T564, D590 và A649 của SEQ ID NO: 1.

Theo phương án thứ 61 của khía cạnh thứ nhất mà cũng là một phương án trong số phương án thứ 55 của khía cạnh thứ nhất, trong đó một hoặc nhiều vị trí axit amin khác nữa được chọn từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin 225, 304, 323, 349, 357, 487, 550, 556, 564, 590 và 649 của SEQ ID NO: 1, tốt hơn là một hoặc nhiều vị trí axit amin khác nữa được chọn một cách độc lập và riêng rẽ từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin 225, 304, 323, 349, 357, 487, 550, 556, 564, 590 và 649 của SEQ ID NO: 1.

Theo phương án thứ 62 của khía cạnh thứ nhất mà cũng là một phương án trong số phương án thứ 61 của khía cạnh thứ nhất, một hoặc nhiều vị trí axit amin khác nữa được chọn từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin N225, A304, T323, F349, G357, Q487, V550, S556, T564, D590 và A649 của SEQ ID NO: 1, tốt hơn là một hoặc nhiều vị trí axit amin khác nữa được chọn một cách độc lập và riêng rẽ từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin

N225, A304, T323, F349, G357, Q487, V550, S556, T564, D590 và A649 của SEQ ID NO: 1.

Theo phương án thứ 63 của khía cạnh thứ nhất mà cũng là một phương án trong số phương án thứ 55 của khía cạnh thứ nhất, trong đó một hoặc nhiều vị trí axit amin khác nữa được chọn từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin 304, 357 và 590 của SEQ ID NO: 1, tốt hơn là trong đó một hoặc nhiều vị trí axit amin khác nữa được chọn một cách độc lập và riêng rẽ từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin 304, 357 và 590 của SEQ ID NO: 1.

Theo phương án thứ 64 của khía cạnh thứ nhất mà cũng là một phương án trong số phương án thứ 63 của khía cạnh thứ nhất, một hoặc nhiều vị trí axit amin khác nữa được chọn từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin A304, G357 và D590 của SEQ ID NO: 1, tốt hơn là một hoặc nhiều vị trí axit amin khác nữa được chọn một cách độc lập và riêng rẽ từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin A304, G357 và D590 của SEQ ID NO: 1.

Theo phương án thứ 65 của khía cạnh thứ nhất mà cũng là một phương án trong các phương án thứ 55, thứ 56, thứ 57, thứ 58, thứ 59, thứ 60, thứ 61, thứ 62, thứ 63 và thứ 64 hoặc phương án trước bất kỳ khác của khía cạnh thứ nhất, trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza chứa trình tự axit amin theo SEQ ID NO: 44.

Theo phương án thứ 66 của khía cạnh thứ nhất mà cũng là một phương án trong số phương án thứ 65 của khía cạnh thứ nhất, trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza bao gồm trình tự axit amin theo SEQ ID NO: 44.

Theo phương án được ưu tiên khác của khía cạnh thứ nhất, mà cũng là một phương án trong số các phương án bất kỳ trước của khía cạnh thứ nhất, trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza chứa thay thế axit amin ở một hoặc nhiều vị trí axit amin nữa, trong đó một hoặc nhiều vị trí axit amin nữa được chọn một cách riêng rẽ và độc lập từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin 10, 114, 118, 192, 197, 220, 225, 304, 306, 318, 323, 339, 349, 357, 383, 459, 476, 481, 484, 487, 488, 506, 511, 526, 530, 532, 533, 537, 550, 556, 564, 590, 649, 667, 703, 705 và 712 của SEQ ID NO: 1.

Theo phương án được ưu tiên khác của khía cạnh thứ nhất, mà cũng là một phương án trong số các phương án bất kỳ trước của khía cạnh thứ nhất, trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza chứa thay thế axit amin ở một hoặc nhiều vị trí axit amin

nữa, trong đó một hoặc nhiều vị trí axit amin nữa được chọn một cách riêng rẽ và độc lập từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin V10, L114, I118, S192, S197, Y220, N225, A304, D306, P318, T323, L339, F349, G357, A459, Q476, E481, A484, Q487, K488, A506, A511, R526, E530, G532, D533, D537, V550, S556, T564, D590, A649, R667, A703, K705, và L712 của SEQ ID NO: 1.

Theo phương án thứ 67 của khía cạnh thứ nhất mà cũng là một phương án trong số các phương án thứ 55, thứ 56, thứ 57, thứ 58, thứ 59, thứ 60, thứ 61, thứ 62, thứ 63, thứ 64, thứ 65, và thứ 66 hoặc phương án trước bất kỳ khác của khía cạnh thứ nhất, trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza chứa thay thế axit amin ở một hoặc nhiều vị trí axit amin nữa, trong đó một hoặc nhiều vị trí axit amin nữa được chọn từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin 10, 192, 197, 220, 225, 306, 318, 323, 339, 349, 459, 476, 481, 484, 487, 488, 506, 511, 526, 530, 532, 533, 537, 550, 556, 564, 649, 667, 703 và 705 của SEQ ID NO: 1, tốt hơn là trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza chứa thay thế axit amin ở một hoặc nhiều vị trí axit amin nữa, trong đó một hoặc nhiều vị trí axit amin nữa được chọn một cách riêng rẽ và độc lập từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin 10, 192, 197, 220, 225, 306, 318, 323, 339, 349, 459, 476, 481, 484, 487, 488, 506, 511, 526, 530, 532, 533, 537, 550, 556, 564, 649, 667, 703 và 705 của SEQ ID NO: 1.

Theo phương án thứ 68 của khía cạnh thứ nhất mà cũng là một phương án trong số phương án thứ 67 của khía cạnh thứ nhất, một hoặc nhiều vị trí axit amin nữa được chọn từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin V10, S192, S197, Y220, N225, D306, P318, T323, L339, F349, A459, Q476, E481, A484, Q487, K488, A506, A511, R526, E530, G532, D533, D537, V550, S556, T564, A649, R667, A703 và K705 của SEQ ID NO: 1, tốt hơn là một hoặc nhiều vị trí axit amin nữa được chọn một cách riêng rẽ và độc lập từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin V10, S192, S197, Y220, N225, D306, P318, T323, L339, F349, A459, Q476, E481, A484, Q487, K488, A506, A511, R526, E530, G532, D533, D537, V550, S556, T564, A649, R667, A703 và K705 của SEQ ID NO: 1.

Theo phương án thứ 69 của khía cạnh thứ nhất mà cũng là một phương án trong số phương án thứ 67 của khía cạnh thứ nhất, một hoặc nhiều vị trí axit amin nữa được chọn từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin 10, 220, 225, 318, 323, 349, 481, 487, 488, 506, 511, 550, 556, 564, 649, 703 và 705 của SEQ ID NO: 1, tốt hơn là một hoặc nhiều vị trí axit amin nữa được chọn một cách riêng rẽ và độc lập từ nhóm bao gồm các vị trí axit

amin 10, 220, 225, 318, 323, 349, 481, 487, 488, 506, 511, 550, 556, 564, 649, 703 và 705 của SEQ ID NO: 1.

Theo phương án thứ 70 của khía cạnh thứ nhất mà cũng là một phương án trong số phương án thứ 69 của khía cạnh thứ nhất, một hoặc nhiều vị trí axit amin nữa được chọn từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin V10, Y220, N225, P318, T323, F349, E481, Q487, K488, A506, A511, V550, S556, T564, A649, A703 và K705 của SEQ ID NO: 1, tốt hơn là một hoặc nhiều vị trí axit amin nữa được chọn một cách riêng rẽ và độc lập từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin V10, Y220, N225, P318, T323, F349, E481, Q487, K488, A506, A511, V550, S556, T564, A649, A703 và K705 của SEQ ID NO: 1.

Theo phương án thứ 71 của khía cạnh thứ nhất mà cũng là một phương án trong số phương án thứ 67 của khía cạnh thứ nhất, một hoặc nhiều vị trí axit amin nữa được chọn từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin 10, 225, 323, 349, 487, 550, 556, 564 và 649 của SEQ ID NO: 1, tốt hơn là một hoặc nhiều vị trí axit amin nữa được chọn một cách riêng rẽ và độc lập từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin 10, 225, 323, 349, 487, 550, 556, 564 và 649 của SEQ ID NO: 1.

Theo phương án thứ 72 của khía cạnh thứ nhất mà cũng là một phương án trong số phương án thứ 71 của khía cạnh thứ nhất, một hoặc nhiều vị trí axit amin nữa được chọn từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin V10, N225, T323, F349, Q487, V550, S556, T564 và A649 của SEQ ID NO: 1, tốt hơn là một hoặc nhiều vị trí axit amin nữa được chọn một cách riêng rẽ và độc lập từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin V10, N225, T323, F349, Q487, V550, S556, T564 và A649 của SEQ ID NO: 1.

Theo phương án thứ 73 của khía cạnh thứ nhất mà cũng là một phương án trong số phương án thứ 67 của khía cạnh thứ nhất, một hoặc nhiều vị trí axit amin nữa được chọn từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin 225, 323, 349, 487, 550, 556, 564 và 649 của SEQ ID NO: 1, tốt hơn là một hoặc nhiều vị trí axit amin nữa được chọn một cách riêng rẽ và độc lập từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin 225, 323, 349, 487, 550, 556, 564 và 649 của SEQ ID NO: 1.

Theo phương án thứ 74 của khía cạnh thứ nhất mà cũng là một phương án trong số phương án thứ 73 của khía cạnh thứ nhất, một hoặc nhiều vị trí axit amin nữa được chọn từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin N225, T323, F349, Q487, V550, S556, T564 và

A649 của SEQ ID NO: 1, tốt hơn là một hoặc nhiều vị trí axit amin nữa được chọn một cách riêng rẽ và độc lập từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin N225, T323, F349, Q487, V550, S556, T564 và A649 của SEQ ID NO: 1.

Theo phương án thứ 75 của khía cạnh thứ nhất mà cũng là một phương án trong số các phương án thứ 67, thứ 68, thứ 69, thứ 70, thứ 71, thứ 72, thứ 73 và thứ 74 hoặc phương án trước bất kỳ khác của khía cạnh thứ nhất, trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza chứa thay thế axit amin ở các vị trí axit amin 712, 383, 114, 118, 304, 357 và 590 của SEQ ID NO: 1, tốt hơn là ở các vị trí axit amin L712, P383, L114, I118, A304, G357 và D590 của SEQ ID NO: 1, và trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza còn chứa thay thế axit amin ở các vị trí axit amin dưới đây của SEQ ID NO: 1

(i) 550 và 556, tốt hơn là V550 và S556, hoặc

(ii) 225, 487 và 564, tốt hơn là N225, Q487 và T564, hoặc

(iii) 323, 550 và 564, tốt hơn là T323, V550 và T564, hoặc

(iv) 225, 323 và 487, tốt hơn là N225, T323 và Q487, hoặc

(v) 225, 487, 550 và 556, tốt hơn là N225, Q487, V550 và S556, hoặc

(vi) 225, 487, 550 và 564, tốt hơn là N225, Q487, V550 và T564, hoặc

(vii) 225, 550, 556 và 564, tốt hơn là N225, V550, S556 và T564, hoặc

(viii) 225, 550, 564 và 649, tốt hơn là N225, V550, T564, A649, hoặc

(ix) 323, 550, 556 và 564, tốt hơn là T323, V550, S556, T564, hoặc

(x) 323, 487, 550 và 649, tốt hơn là T323, Q487, V550 và A649, hoặc

(xii) 225, 487, 550, 556 và 564, tốt hơn là N225, Q487, V550, S556 và T564, hoặc

(xiii) 225, 550, 556, 564 và 649, tốt hơn là N225, V550, S556, T564 và A649, hoặc

(xiv) 225, 323, 487, 550 và 564, tốt hơn là N225, T323, Q487, V550, T564, hoặc

(xv) 225, 323, 487, 550 và 649, tốt hơn là N225, T323, Q487, V550 và A649, hoặc

(xvi) 225, 323, 487, 550 và 556, tốt hơn là N225, T323, Q487, V550 và S556, hoặc

(xvii) 225, 323, 550, 556, 564, tốt hơn là N225, T323, V550, S556, T564, hoặc

(xviii) 323, 349, 487, 550 và 649, tốt hơn là T323, F349, Q487, V550 và A649, hoặc

(ixx) 323, 487, 550, 556 và 564, tốt hơn là T323, Q487, V550, S556 và T564, hoặc

(xx) 487, 550, 556, 564 và 649, tốt hơn là Q487, V550, S556, T564 và A649, hoặc

(xxi) 225, 323, 349, 550, 556 và 649, tốt hơn là N225, T323, F349, V550, S556 và A649, hoặc

(xxii) 225, 323, 487, 550, 556, 649, tốt hơn là N225, T323, Q487, V550, S556 và A649, hoặc

(xxiiii) 225, 349, 487, 550, 556 và 564, tốt hơn là N225, F349, Q487, V550, S556 và T564, và/hoặc

(xxiv) 225, 349, 487, 550, 564 và 649, tốt hơn là N225, F349, Q487, V550, T564, A649, hoặc

(xxv) 225, 487, 550, 556, 564 và 649, tốt hơn là N225, Q487, V550, S556, T564 và A649, hoặc

(xxvi) 323, 487, 550, 556, 564 và 649, tốt hơn là T323, Q487, V550, S556, T564 và A649, hoặc

(xxvii) 225, 323, 487, 550, 556, 564 và 649, tốt hơn là N225, T323, Q487, V550, S556, T564 và A649.

Theo phương án thứ 76 theo khía cạnh thứ nhất mà cũng là một phương án trong số các phương án thứ nhất, thứ hai, thứ ba, thứ tư, thứ năm, thứ sáu, thứ bảy, thứ tám, thứ chín, thứ mười, thứ mười một, thứ mười hai, thứ 13, thứ 14, thứ 15, thứ 16, thứ 17, thứ 18, thứ 19, thứ 20, thứ 21, thứ 22, thứ 23, thứ 24, thứ 25, thứ 26, thứ 27, thứ 28, thứ 29, thứ 30, thứ 31, thứ 32, thứ 33, thứ 34, thứ 35, thứ 36, thứ 37, thứ 38, thứ 39, thứ 40, thứ 41, thứ 42, thứ 43, thứ 44, thứ 45, thứ 46, thứ 47, thứ 48, thứ 49, thứ 50, thứ 51, thứ 52, thứ 53, thứ 54, thứ 55, thứ 56, thứ 57, thứ 58, thứ 59, thứ 60, thứ 61, thứ 62, thứ 63, thứ 64, thứ 65, thứ 66, thứ 67, thứ 68, thứ 69, thứ 70, thứ 71, thứ 72, thứ 73, thứ 74 và thứ 75 hoặc phương án trước bất kỳ khác của khía cạnh thứ nhất, thay thế ở vị trí bất kỳ trong số các vị trí axit amin được chọn từ nhóm axit amin bao gồm A, R, N, D, C, Q, E, G, H, I, L, K, M, F, P, S, T, W, Y, và V, tốt hơn là thay thế ở vị trí bất kỳ trong số các vị trí axit

amin được chọn một cách riêng rẽ và độc lập từ nhóm axit amin bao gồm A, R, N, D, C, Q, E, G, H, I, L, K, M, F, P, S, T, W, Y, và V.

Theo phương án thứ 77 của khía cạnh thứ nhất mà cũng là một phương án trong số phương án thứ 76 của khía cạnh thứ nhất, thay thế ở vị trí bất kỳ trong số các vị trí axit amin 712, 383, 10, 114, 118, 192, 197, 220, 225, 304, 306, 318, 323, 339, 349, 357, 459, 476, 481, 484, 487, 488, 506, 511, 526, 530, 532, 533, 537, 550, 556, 564, 590, 649, 667, 703 và 705 của SEQ ID NO: 1.

Theo phương án thứ 78 của khía cạnh thứ nhất mà cũng là một phương án trong số phương án thứ 77 của khía cạnh thứ nhất, thay thế ở vị trí bất kỳ trong số các vị trí axit amin L712, P383, V10, L114, I118, S192, S197, Y220, N225, A304, D306, P318, T323, L339, F349, G357, A459, Q476, E481, A484, Q487, K488, A506, A511, R526, E530, G532, D533, D537, V550, S556, T564, D590, A649, R667, A703 và K705 của SEQ ID NO: 1.

Theo phương án thứ 79 của khía cạnh thứ nhất mà cũng là một phương án trong số các phương án thứ nhất, thứ hai, thứ ba, thứ tư, thứ năm, thứ sáu, thứ bảy, thứ tám, thứ chín, thứ mười, thứ mười một, thứ mười hai, thứ 13, thứ 14, thứ 15, thứ 16, thứ 17, thứ 18, thứ 19, thứ 20, thứ 21, thứ 22, thứ 23, thứ 24, thứ 25, thứ 26, thứ 27, thứ 28, thứ 29, thứ 30, thứ 31, thứ 32, thứ 33, thứ 34, thứ 35, thứ 36, thứ 37, thứ 38, thứ 39, thứ 40, thứ 41, thứ 42, thứ 43, thứ 44, thứ 45, thứ 46, thứ 47, thứ 48, thứ 49, thứ 50, thứ 51, thứ 52, thứ 53, thứ 54, thứ 55, thứ 56, thứ 57, thứ 58, thứ 59, thứ 60, thứ 61, thứ 62, thứ 63, thứ 64, thứ 65, thứ 66, thứ 67, thứ 68, thứ 69, thứ 70, thứ 71, thứ 72, thứ 73, thứ 74, thứ 75, thứ 76, thứ 77 và thứ 78 hoặc phương án trước bất kỳ khác của khía cạnh thứ nhất, tốt hơn là trong số các phương án thứ 76, thứ 77 và thứ 78 của khía cạnh thứ nhất, trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza chứa một hoặc nhiều thay thế, trong đó thay thế được chọn từ nhóm bao gồm

thay thế axit amin ở vị trí V10 của SEQ ID NO: 1 với thay thế là V10R, V10H hoặc V10K, tốt hơn là V10R;

thay thế axit amin ở vị trí L114 của SEQ ID NO: 1 với thay thế là L114A, L114G, L114I, L114M, L114P hoặc L114V, tốt hơn là L114I;

thay thế axit amin ở vị trí I118 của SEQ ID NO: 1 với thay thế là I118A, I118G, I118L, I118M, I118P hoặc I118V, tốt hơn là I118V;

thay thế axit amin ở vị trí S192 của SEQ ID NO: 1 với thay thế là S192A, S192G, S192I, S192L, S192M, S192P hoặc S192V, tốt hơn là S192V;

thay thế axit amin ở vị trí S197 của SEQ ID NO: 1 với thay thế là S197A, S197G, S197I, S197L, S197M, S197P hoặc S197V, tốt hơn là S197G;

thay thế axit amin ở vị trí Y220 của SEQ ID NO: 1 với thay thế là Y220F hoặc Y220W, tốt hơn là Y220F;

thay thế axit amin ở vị trí N225 của SEQ ID NO: 1 với thay thế là N225A, N225G, N225I, N225L, N225M, N225P hoặc N225V, tốt hơn là N225I, N225L, N225M hoặc N225V, và tốt hơn nữa N225V;

thay thế axit amin ở vị trí A304 của SEQ ID NO: 1 với thay thế là A304G, A304I, A304L, A304M, A304P hoặc A304V, tốt hơn là A304I hoặc A304L, và tốt hơn nữa A304I;

thay thế axit amin ở vị trí D306 của SEQ ID NO: 1 với thay thế là D306R, D306H hoặc D306K, tốt hơn là D306H;

thay thế axit amin ở vị trí P318 của SEQ ID NO: 1 với thay thế là P318R, P318H hoặc P318K, tốt hơn là P318H;

thay thế axit amin ở vị trí T323 của SEQ ID NO : 1 với thay thế là T323A, T323G, T323I, T323L, T323M, T323P, hoặc T323V, tốt hơn là T323I hoặc T323V, và tốt hơn nữa T323I;

thay thế axit amin ở vị trí L339 của SEQ ID NO: 1 với thay thế là L339A, L339G, L339I, L339L, L339M, L339P hoặc L339V, tốt hơn là L339I;

thay thế axit amin ở vị trí F349 của SEQ ID NO: 1 với thay thế là F349W hoặc F349Y, tốt hơn là F349Y;

thay thế axit amin ở vị trí G357 của SEQ ID NO: 1 với thay thế là G357A, G357I, G357L, G357M, G357P hoặc G357V, tốt hơn là G357A;

thay thế axit amin ở vị trí P383 của SEQ ID NO: 1 với thay thế là P383A, P383G, P383I, P383L, P383M, P383V, P383N, P383C, P383Q, P383S hoặc P383T, tốt hơn là P383A, P383G, P383M, P383V, P383N, P383C, P383Q, P383S hoặc P383T, tốt hơn nữa P383G, P383V, P383C hoặc P383S, hoặc P383T, còn tốt hơn nữa P383V hoặc P383T, và tốt nhất là P383V;

thay thế axit amin ở vị trí A459 của SEQ ID NO: 1 với thay thế là A459N, A459C, A459Q hoặc A459S, A459T, tốt hơn là A459S;

thay thế axit amin ở vị trí Q476 của SEQ ID NO: 1 với thay thế là Q476A, Q476G, Q476I, Q476L, Q476M, Q476P hoặc Q476V, tốt hơn là Q476G;

thay thế axit amin ở vị trí E481 của SEQ ID NO: 1 với thay thế là E481A, E481G, E481I, E481L, E481M, E481P hoặc E481V, tốt hơn là E481I;

thay thế axit amin ở vị trí A484 của SEQ ID NO: 1 với thay thế là A484N, A484C, A484Q, A484S hoặc A484T, tốt hơn là A484S;

thay thế axit amin ở vị trí Q487 của SEQ ID NO: 1 với thay thế là Q487A, Q487G, Q487I, Q487L, Q487M, Q487P hoặc Q487V, tốt hơn là Q487A, Q487G, Q487L, Q487M hoặc Q487V, tốt hơn nữa Q487A;

thay thế axit amin ở vị trí K488 của SEQ ID NO: 1 với thay thế là K488A, K488G, K488I, K488L, K488M, K488P hoặc K488V, tốt hơn là K488A;

thay thế axit amin ở vị trí A506 của SEQ ID NO: 1 với thay thế là A506N, A506C, A506Q, A506S hoặc A506T, tốt hơn là A506S;

thay thế axit amin ở vị trí A511 của SEQ ID NO: 1 với thay thế là A511N, A511C, A511Q, A511S hoặc A511T, tốt hơn là A511S;

thay thế axit amin ở vị trí R526 của SEQ ID NO: 1 với thay thế là R526D hoặc R526E tốt hơn, nếu R526E;

thay thế axit amin ở vị trí E530 của SEQ ID NO: 1 với thay thế là E530A, E530G, E530I, E530L, E530M, E530P, E530V, tốt hơn là E530V;

thay thế axit amin ở vị trí G532 của SEQ ID NO: 1 với thay thế là G532R, G532H hoặc G532K, tốt hơn là G532R;

thay thế axit amin ở vị trí D533 của SEQ ID NO: 1 với thay thế là D533A, D533G, D533I, D533L, D533M, D533P hoặc D533V, tốt hơn là D533G;

thay thế axit amin ở vị trí D537 của SEQ ID NO: 1 với thay thế là D537A, D537G, D537I, D537L, D537M, D537P hoặc D537V, tốt hơn là D537M;

thay thế axit amin ở vị trí V550 của SEQ ID NO: 1 với thay thế là V550A, V550G, V550I, V550L, V550M hoặc V550P, tốt hơn là V550I hoặc V550P, và tốt hơn nữa V550I;

thay thế axit amin ở vị trí S556 của SEQ ID NO: 1 với thay thế là S556N, S556C, S556Q hoặc S556T, tốt hơn là S556T;

thay thế axit amin ở vị trí T564 của SEQ ID NO: 1 với thay thế là T564D hoặc T564E, tốt hơn là T564E;

thay thế axit amin ở vị trí D590 của SEQ ID NO: 1 với thay thế là D590N, D590C, D590Q, D590S, D590T, D590A, D590G, D590I, D590L, D590M, D590P hoặc D590V, tốt hơn là D590N, D590G hoặc D590A, và tốt hơn nữa D590N;

thay thế axit amin ở vị trí A649 của SEQ ID NO: 1 với thay thế là A649D hoặc A649E, tốt hơn là A649E;

thay thế axit amin ở vị trí R667 của SEQ ID NO: 1 với thay thế là R667D, R667E, R667R, R667H hoặc R667K, tốt hơn là R667E hoặc R667K, tốt hơn nữa R667E;

thay thế axit amin ở vị trí A703 của SEQ ID NO: 1 với thay thế là A703D hoặc A703E, tốt hơn là A703E;

thay thế axit amin ở vị trí K705 của SEQ ID NO: 1 với thay thế là K705N, K705C, K705Q, K705S hoặc K705T, tốt hơn là K705N; và

thay thế axit amin ở vị trí L712 của SEQ ID NO: 1 với thay thế là L712A, L712G, L712I, L712M, L712P hoặc L712V, tốt hơn là L712M.

Theo phương án được ưu tiên khác của khía cạnh thứ nhất, mà cũng là phương án bất kỳ trong số các phương án của khía cạnh thứ nhất theo sáng chế, trehaloza phosphorylaza chứa một hoặc nhiều thay thế, trong đó thay thế được chọn từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin L712M, P383G, P383V, P383C, P383S, P383T, V10R, L114I, I118V, S192V, S197G, Y220F, N225I, N225L, N225M, N225V, A304L, A304I, D306H, P318H, T323I, T323V, L339I, F349Y, G357A, A459S, Q476G, E481I, A484S, 487A, Q487G, Q487L, Q487M, Q487V, K488A, A506S, A511S, R526E, E530V, G532R, D533G, D537M, V550I, V550P, S556T, T564E, D590N, D590G, D590A, A649E, R667E, R667K, A703E, và K705N của SEQ ID NO: 1, tốt hơn là từ nhóm bao gồm các

vị trí axit amin P383G, P383V, P383C, P383S, P383T, V10R, L114I, S192V, S197G, N225I, N225L, N225M, N225V, A304L, A304I, D306H, P318H, T323I, T323V, L339I, F349Y, G357A, A459S, Q476G, E481I, A484SQ487G, Q487L, Q487M, Q487V, K488A, A506S, A511S, R526E, E530V, G532R, D533G, D537M, V550I, V550P, S556T, T564E, D590G, D590A, A649E, R667E, R667K, A703E, và K705N của SEQ ID NO: 1.

Theo phương án thứ 80 của khía cạnh thứ nhất mà cũng là một phương án trong số các phương án thứ nhất, thứ hai, thứ ba, thứ tư, thứ năm, thứ sáu, thứ bảy, thứ tám, thứ chín, thứ mười, thứ mười một, thứ mười hai, thứ 13, thứ 14, thứ 15, thứ 16, thứ 17, thứ 18, thứ 19, thứ 20, thứ 21, thứ 22, thứ 23, thứ 24, thứ 25, thứ 26, thứ 27, thứ 28, thứ 29, thứ 30, thứ 31, thứ 32, thứ 33, thứ 34, thứ 35, thứ 36, thứ 37, thứ 38, thứ 39, thứ 40, thứ 41, thứ 42, thứ 43, thứ 44, thứ 45, thứ 46, thứ 47, thứ 48, thứ 49, thứ 50, thứ 51, thứ 52, thứ 53, thứ 54, thứ 55, thứ 56, thứ 57, thứ 58, thứ 59, thứ 60, thứ 61, thứ 62, thứ 63, thứ 64, thứ 65, thứ 66, thứ 67, thứ 68, thứ 69, thứ 70, thứ 71, thứ 72, thứ 73, thứ 74, thứ 75, thứ 76, thứ 77, thứ 78 và thứ 79 hoặc phương án trước bất kỳ khác của khía cạnh thứ nhất, định danh của trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza ít nhất là 81%, hoặc ít nhất là 82%, hoặc ít nhất là 83%, hoặc ít nhất là 84%, hoặc ít nhất là 85%, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 86%, hoặc ít nhất là 87%, hoặc ít nhất là 88%, hoặc ít nhất là 89%, hoặc ít nhất là 90%, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 91%, hoặc ít nhất là 92%, hoặc ít nhất là 93%, hoặc ít nhất là 94%, hoặc ít nhất là 95%, và tốt nhất là ít nhất là 96%, hoặc ít nhất là 97%, hoặc ít nhất là 98%, hoặc ít nhất là 99%, ít nhất là 99,1%, hoặc ít nhất là 99,2%, hoặc ít nhất là 99,3%, hoặc ít nhất là 99,4%, hoặc ít nhất là 99,5%, hoặc ít nhất là 99,6%, hoặc ít nhất là 99,7%, hoặc ít nhất là 99,8%, và cụ thể là ít nhất là 99,9%, hoặc 100% với trình tự axit amin được thể hiện ở SEQ ID NO: 1.

Theo phương án thứ 81 của khía cạnh thứ nhất mà cũng là một phương án trong số các phương án thứ nhất, thứ hai, thứ ba, thứ tư, thứ năm, thứ sáu, thứ bảy, thứ tám, thứ chín, thứ mười, thứ mười một, thứ mười hai, thứ 13, thứ 14, thứ 15, thứ 16, thứ 17, thứ 18, thứ 19, thứ 20, thứ 21, thứ 22, thứ 23, thứ 24, thứ 25, thứ 26, thứ 27, thứ 28, thứ 29, thứ 30, thứ 31, thứ 32, thứ 33, thứ 34, thứ 35, thứ 36, thứ 37, thứ 38, thứ 39, thứ 40, thứ 41, thứ 42, thứ 43, thứ 44, thứ 45, thứ 46, thứ 47, thứ 48, thứ 49, thứ 50, thứ 51, thứ 52, thứ 53, thứ 54, thứ 55, thứ 56, thứ 57, thứ 58, thứ 59, thứ 60, thứ 61, thứ 62, thứ 63, thứ

64, thứ 65, thứ 66, thứ 67, thứ 68, thứ 69, thứ 70, thứ 71, thứ 72, thứ 73, thứ 74, thứ 75, thứ 76, thứ 77, thứ 78, thứ 79 và thứ 80 hoặc phương án trước bất kỳ khác của khía cạnh thứ nhất, trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza đồng nhất ít nhất là 85% với trình tự axit amin của SEQ ID NO: 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 56, 57, 58, 59, 60, 61, 62, 63, 64, 65, 66, 67, 68, 69, 70, 71, 72, 73, 74, 75, 76, 77, 78, 79, 84, 85, 86, 87, 88, 89, 90, 91, 92, 93, 94, 95, 96, 97, 98, 99, 100, 101, 102, 103, 104, 105, 106, 107, 108, 109, 110, 111, 112, 113, 114, 115, 116, 117, 118, 119, 120, 121, 122, 123, 124, 125, 126, 127, 128, 129, 130, 131, 132, 133, 134, 135, 136, 137, 138, 139, 140, 141, 142, 143, 144, 145, 146, 147, 148, 149, 150, 151, 152, 153, 154, 155, 156, 157, 158, 159, hoặc 190.

Theo phương án thứ 82 của khía cạnh thứ nhất mà cũng là một phương án trong số phương án thứ 81 của khía cạnh thứ nhất, trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza đồng nhất ít nhất là 85% với trình tự axit amin của SEQ ID NO: 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 56, 57, 58, 59, 60, 61, 62, 63, 64, 65, 66, 67, 68, 69, 70, 71, 72, 73, 74, 75, 76, 77, 78, 79, 87, 88, 89, 91, 93, 94, 95, 97, 98, 101, 103, 104, 105, 107, 109, 110, 111, 113, 114, 115, 117, 119, 121, 123, 125, 128, 130, 131, 132, 133, 134, 135, 136, 137, 138, 139, 140, 141, 146, 147, 149, 150, 151, 152, 154, 155, 156, 157, 158, 159, hoặc 190.

Theo phương án được ưu tiên của khía cạnh thứ nhất, mà cũng là một phương án trong số các phương án bất kỳ trước của khía cạnh thứ nhất, trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza đồng nhất ít nhất là 85% với trình tự axit amin của SEQ ID NO: 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 56, 57, 58, 59, 60, 61, 62, 63, 64, 65, 66, 67, 68, 69, 70, 71, 72, 73, 74, 75, 76, 77, 78, 79, 155, 156, 157, hoặc 190.

Theo phương án thứ 83 của khía cạnh thứ nhất mà cũng là một phương án trong số phương án thứ 82 của khía cạnh thứ nhất, trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza đồng nhất ít nhất là 85% với trình tự axit amin của SEQ ID NO: 3, 7, 9, 10, 12, 13, 15, 20, 29, 44, 45, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 56, 57, 58, 59, 60, 61, 62, 63, 64, 65, 66, 67, 68, 69,

70, 71, 72, 73, 74, 75, 76, 77, 78, 79, 98, 104, 110, 113, 115, 121, 125, 132, 133, 134, 135, 136, 137, 138, 139, 140, 141, 147, 152, 154, 155, 156, 157, 158, 159, hoặc 190.

Theo phương án được ưu tiên của khía cạnh thứ nhất, mà cũng là một phương án trong số các phương án bất kỳ trước của khía cạnh thứ nhất, trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza đồng nhất ít nhất là 85% với trình tự axit amin của SEQ ID NO: 44, 45, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 56, 57, 58, 59, 60, 61, 62, 63, 64, 65, 66, 67, 68, 69, 70, 71, 72, 73, 74, 75, 76, 77, 78, 79, hoặc 190.

Theo phương án thứ 84 của khía cạnh thứ nhất mà cũng là một phương án trong số phương án các thứ nhất, thứ hai, thứ ba, thứ tư, thứ năm, thứ sáu, thứ bảy, thứ tám, thứ chín, thứ mười, thứ mười một, thứ mười hai, thứ 13, thứ 14, thứ 15, thứ 16, thứ 17, thứ 18, thứ 19, thứ 20, thứ 21, thứ 22, thứ 23, thứ 24, thứ 25, thứ 26, thứ 27, thứ 28, thứ 29, thứ 30, thứ 31, thứ 32, thứ 33, thứ 34, thứ 35, thứ 36, thứ 37, thứ 38, thứ 39, thứ 40, thứ 41, thứ 42, thứ 43, thứ 44, thứ 45, thứ 46, thứ 47, thứ 48, thứ 49, thứ 50, thứ 51, thứ 52, thứ 53, thứ 54, thứ 55, thứ 56, thứ 57, thứ 58, thứ 59, thứ 60, thứ 61, thứ 62, thứ 63, thứ 64, thứ 65, thứ 66, thứ 67, thứ 68, thứ 69, thứ 70, thứ 71, thứ 72, thứ 73, thứ 74, thứ 75, thứ 76, thứ 77, thứ 78, thứ 79, thứ 80, thứ 81, thứ 82 và thứ 83 hoặc phương án trước bất kỳ khác của khía cạnh thứ nhất, trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza đồng nhất ít nhất là 85% với hai hoặc nhiều trình tự axit amin của SEQ ID NO: 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 56, 57, 58, 59, 60, 61, 62, 63, 64, 65, 66, 67, 68, 69, 70, 71, 72, 73, 74, 75, 76, 77, 78 79, 84, 85, 86, 87, 88, 89, 90, 91, 92, 93, 94, 95, 96, 97, 98, 99, 100, 101, 102, 103, 104, 105, 106, 107, 108, 109, 110, 111, 112, 113, 114, 115, 116, 117, 118, 119, 120, 121, 122, 123, 124, 125, 126, 127, 128, 129, 130, 131, 132, 133, 134, 135, 136, 137, 138, 139, 140, 141, 142, 143, 144, 145, 146, 147, 148, 149, 150, 151, 152, 153, 154, 155, 156, 157, 158, 159, hoặc 190.

Theo phương án thứ 85 của khía cạnh thứ nhất mà cũng là một phương án trong số phương án thứ 84 của khía cạnh thứ nhất, trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza đồng nhất ít nhất là 85% với hai hoặc nhiều trình tự axit amin của SEQ ID NO: 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49, 50, 51, 52, 53, 54,

55, 56, 57, 58, 59, 60, 61, 62, 63, 64, 65, 66, 67, 68, 69, 70, 71, 72, 73, 74, 75, 76, 77, 78, 79, 87, 88, 89, 91, 93, 94, 95, 97, 98, 101, 103, 104, 105, 107, 109, 110, 111, 113, 114, 115, 117, 119, 121, 123, 125, 128, 130, 131, 132, 133, 134, 135, 136, 137, 138, 139, 140, 141, 146, 147, 149, 150, 151, 152, 154, 155, 156, 157, 158, 159, hoặc 190.

Theo phương án được ưu tiên khác của khía cạnh thứ nhất, mà cũng là một phương án trong số các phương án bất kỳ trước của khía cạnh thứ nhất, trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza đồng nhất ít nhất là 85% với hai hoặc nhiều trình tự axit amin của SEQ ID NO: 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 56, 57, 58, 59, 60, 61, 62, 63, 64, 65, 66, 67, 68, 69, 70, 71, 72, 73, 74, 75, 76, 77, 78, 79, 155, 156, 157, hoặc 190.

Theo phương án thứ 86 của khía cạnh thứ nhất mà cũng là một phương án trong số phương án thứ 85 của khía cạnh thứ nhất, trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza đồng nhất ít nhất là 85% với hai hoặc nhiều trình tự axit amin của SEQ ID NO: 3, 7, 9, 10, 12, 13, 15, 20, 29, 44, 45, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 56, 57, 58, 59, 60, 61, 62, 63, 64, 65, 66, 67, 68, 69, 70, 71, 72, 73, 74, 75, 76, 77, 78, 79, 98, 104, 110, 113, 115, 121, 125, 132, 133, 134, 135, 136, 137, 138, 139, 140, 141, 147, 152, 154, 155, 156, 157, 158, 159, hoặc 190.

Theo phương án được ưu tiên khác của khía cạnh thứ nhất, mà mà cũng là một phương án bất kỳ trong số các phương án trước của khía cạnh thứ nhất, trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza đồng nhất ít nhất là 85% với hai hoặc nhiều trình tự axit amin của SEQ ID NO: 44, 45, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 56, 57, 58, 59, 60, 61, 62, 63, 64, 65, 66, 67, 68, 69, 70, 71, 72, 73, 74, 75, 76, 77, 78, 79, hoặc 190.

Theo phương án thứ 87 của khía cạnh thứ nhất mà cũng là một phương án trong số các phương án thứ 80, thứ 81, thứ 82, thứ 83, thứ 84, thứ 85 và thứ 86 hoặc phương án trước bất kỳ khác của khía cạnh thứ nhất, mức độ đồng nhất của trình tự axit amin ít nhất là 86%, hoặc ít nhất là 87%, hoặc ít nhất là 88%, hoặc ít nhất là 89%, hoặc ít nhất là 90%, tốt hơn nữa nếu ít nhất là 91%, hoặc ít nhất là 92%, hoặc ít nhất là 93%, hoặc ít nhất là 94%, hoặc ít nhất là 95%, và tốt nhất là ít nhất là 96%, hoặc ít nhất là 97%, hoặc ít nhất là 98%, hoặc ít nhất là 99%, ít nhất là 99,1%, hoặc ít nhất là 99,2%, hoặc ít nhất là 99,3%,

hoặc ít nhất là 99,4%, hoặc ít nhất là 99,5%, hoặc ít nhất là 99,6%, hoặc ít nhất là 99,7%, hoặc ít nhất là 99,8%, và cụ thể là ít nhất là 99,9%, hoặc 100%.

Theo phương án thứ 88 của khía cạnh thứ nhất mà cũng là một phương án trong số các phương án thứ nhất, thứ hai, thứ ba, thứ tư, thứ năm, thứ sáu, thứ bảy, thứ tám, thứ chín, thứ mười, thứ mười một, thứ mười hai, thứ 13, thứ 14, thứ 15, thứ 16, thứ 17, thứ 18, thứ 19, thứ 20, thứ 21, thứ 22, thứ 23, thứ 24, thứ 25, thứ 26, thứ 27, thứ 28, thứ 29, thứ 30, thứ 31, thứ 32, thứ 33, thứ 34, thứ 35, thứ 36, thứ 37, thứ 38, thứ 39, thứ 40, thứ 41, thứ 42, thứ 43, thứ 44, thứ 45, thứ 46, thứ 47, thứ 48, thứ 49, thứ 50, thứ 51, thứ 52, thứ 53, thứ 54, thứ 55, thứ 56, thứ 57, thứ 58, thứ 59, thứ 60, thứ 61, thứ 62, thứ 63, thứ 64, thứ 65, thứ 66, thứ 67, thứ 68, thứ 69, thứ 70, thứ 71, thứ 72, thứ 73, thứ 74, thứ 75, thứ 76, thứ 77, thứ 78, thứ 79, thứ 80, thứ 81, thứ 82, thứ 83, thứ 84, thứ 85, thứ 86 và thứ 87 hoặc phương án trước bất kỳ khác của khía cạnh thứ nhất, tốt hơn là trong số các phương án thứ nhất, thứ hai, thứ ba, thứ tư, thứ năm, thứ sáu, thứ bảy, thứ tám, thứ chín, thứ mười, thứ mười một, thứ mười hai, thứ 13, thứ 14, thứ 15, thứ 16, thứ 17, thứ 18, thứ 19, thứ 20, thứ 21, thứ 22, thứ 23, thứ 24, thứ 25, thứ 26, thứ 27, thứ 28, thứ 29, thứ 30, thứ 31, thứ 32, thứ 33, thứ 34, thứ 35, thứ 36, thứ 37, thứ 38, thứ 39, thứ 40, thứ 41, thứ 42, thứ 43, thứ 44, thứ 45, thứ 46, thứ 47, thứ 48, thứ 49, thứ 50, thứ 51, thứ 52, thứ 53, thứ 54, thứ 55, thứ 56, thứ 57, thứ 58, thứ 59, thứ 60, thứ 61, thứ 62, thứ 63, thứ 64, thứ 65, thứ 66, thứ 67, thứ 68, thứ 69, thứ 70, thứ 71, thứ 72, thứ 73, thứ 74, thứ 75, thứ 76, thứ 77, thứ 78 và thứ 79 hoặc phương án trước bất kỳ khác của khía cạnh thứ nhất, mức độ tương đồng của trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza với trình tự axit amin của SEQ ID NO: 1 ít nhất là 81%, hoặc ít nhất là 82%, hoặc ít nhất là 83%, hoặc ít nhất là 84%, hoặc ít nhất là 85%, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 86%, hoặc ít nhất là 87%, hoặc ít nhất là 88%, hoặc ít nhất là 89%, hoặc ít nhất là 90%, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 91%, hoặc ít nhất là 92%, hoặc ít nhất là 93%, hoặc ít nhất là 94%, hoặc ít nhất là 95%, và tốt nhất là ít nhất là 96%, hoặc ít nhất là 97%, hoặc ít nhất là 98%, hoặc ít nhất là 99%, ít nhất là 99,1%, hoặc ít nhất là 99,2%, hoặc ít nhất là 99,3%, hoặc ít nhất là 99,4%, hoặc ít nhất là 99,5%, hoặc ít nhất là 99,6%, hoặc ít nhất là 99,7%, hoặc ít nhất là 99,8%, và cụ thể là ít nhất là 99,9%, hoặc 100%.

Theo phương án thứ 89 của khía cạnh thứ nhất mà cũng là một phương án trong số các phương án thứ nhất, thứ hai, thứ ba, thứ tư, thứ năm, thứ sáu, thứ bảy, thứ tám, thứ

chín, thứ mười, thứ mười một, thứ mười hai, thứ 13, thứ 14, thứ 15, thứ 16, thứ 17, thứ 18, thứ 19, thứ 20, thứ 21, thứ 22, thứ 23, thứ 24, thứ 25, thứ 26, thứ 27, thứ 28, thứ 29, thứ 30, thứ 31, thứ 32, thứ 33, thứ 34, thứ 35, thứ 36, thứ 37, thứ 38, thứ 39, thứ 40, thứ 41, thứ 42, thứ 43, thứ 44, thứ 45, thứ 46, thứ 47, thứ 48, thứ 49, thứ 50, thứ 51, thứ 52, thứ 53, thứ 54, thứ 55, thứ 56, thứ 57, thứ 58, thứ 59, thứ 60, thứ 61, thứ 62, thứ 63, thứ 64, thứ 65, thứ 66, thứ 67, thứ 68, thứ 69, thứ 70, thứ 71, thứ 72, thứ 73, thứ 74, thứ 75, thứ 76, thứ 77, thứ 78, thứ 79, thứ 80, thứ 81, thứ 82, thứ 83, thứ 84, thứ 85, thứ 86, thứ 87 và thứ 88 hoặc phương án trước bất kỳ khác của khía cạnh thứ nhất, trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza tương đồng ít nhất là 85% với trình tự axit amin của SEQ ID NO: 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 56, 57, 58, 59, 60, 61, 62, 63, 64, 65, 66, 67, 68, 69, 70, 71, 72, 73, 74, 75, 76, 77, 78, 79, 84, 85, 86, 87, 88, 89, 90, 91, 92, 93, 94, 95, 96, 97, 98, 99, 100, 101, 102, 103, 104, 105, 106, 107, 108, 109, 110, 111, 112, 113, 114, 115, 116, 117, 118, 119, 120, 121, 122, 123, 124, 125, 126, 127, 128, 129, 130, 131, 132, 133, 134, 135, 136, 137, 138, 139, 140, 141, 142, 143, 144, 145, 146, 147, 148, 149, 150, 151, 152, 153, 154, 155, 156, 157, 158, hoặc 159.

Theo phương án thứ 90 của khía cạnh thứ nhất mà cũng là một phương án trong số phương án thứ 89 của khía cạnh thứ nhất, trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza tương đồng ít nhất là 85% với trình tự axit amin của SEQ ID NO: 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 56, 57, 58, 59, 60, 61, 62, 63, 64, 65, 66, 67, 68, 69, 70, 71, 72, 73, 74, 75, 76, 77, 78, 79, 87, 88, 89, 91, 93, 94, 95, 97, 98, 101, 103, 104, 105, 107, 109, 110, 111, 113, 114, 115, 117, 119, 121, 123, 125, 128, 130, 131, 132, 133, 134, 135, 136, 137, 138, 139, 140, 141, 146, 147, 149, 150, 151, 152, 154, 155, 156, 157, 158, 159, hoặc 190.

Theo phương án được ưu tiên khác của khía cạnh thứ nhất, mà cũng là một phương án trong số các phương án bất kỳ trước của khía cạnh thứ nhất, trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza tương đồng ít nhất là 85% với trình tự axit amin của SEQ ID NO: ID NO: 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49, 50, 51, 52, 53, 54,

55, 56, 57, 58, 59, 60, 61, 62, 63, 64, 65, 66, 67, 68, 69, 70, 71, 72, 73, 74, 75, 76, 77, 78, 79, 155, 156, 157, hoặc 190.

Theo phương án thứ 91 của khía cạnh thứ nhất mà cũng là một phương án trong số phương án thứ 90 của khía cạnh thứ nhất, trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza tương đồng ít nhất là 85% với trình tự axit amin của SEQ ID NO: 3, 7, 9, 10, 12, 13, 15, 20, 29, 44, 45, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 56, 57, 58, 59, 60, 61, 62, 63, 64, 65, 66, 67, 68, 69, 70, 71, 72, 73, 74, 75, 76, 77, 78, 79, 98, 104, 110, 113, 115, 121, 125, 132, 133, 134, 135, 136, 137, 138, 139, 140, 141, 147, 152, 154, 155, 156, 157, 158, 159, hoặc 190.

Theo phương án được ưu tiên của khía cạnh thứ nhất, mà cũng là một phương án trong số các phương án bất kỳ trước của khía cạnh thứ nhất, trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza tương đồng ít nhất là 85% với các trình tự axit amin của SEQ ID NO: 44, 45, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 56, 57, 58, 59, 60, 61, 62, 63, 64, 65, 66, 67, 68, 69, 70, 71, 72, 73, 74, 75, 76, 77, 78, 79, hoặc 190.

Theo phương án thứ 92 của khía cạnh thứ nhất mà cũng là một phương án trong số các phương án thứ nhất, thứ hai, thứ ba, thứ tư, thứ năm, thứ sáu, thứ bảy, thứ tám, thứ chín, thứ mười, thứ mười một, thứ mười hai, thứ 13, thứ 14, thứ 15, thứ 16, thứ 17, thứ 18, thứ 19, thứ 20, thứ 21, thứ 22, thứ 23, thứ 24, thứ 25, thứ 26, thứ 27, thứ 28, thứ 29, thứ 30, thứ 31, thứ 32, thứ 33, thứ 34, thứ 35, thứ 36, thứ 37, thứ 38, thứ 39, thứ 40, thứ 41, thứ 42, thứ 43, thứ 44, thứ 45, thứ 46, thứ 47, thứ 48, thứ 49, thứ 50, thứ 51, thứ 52, thứ 53, thứ 54, thứ 55, thứ 56, thứ 57, thứ 58, thứ 59, thứ 60, thứ 61, thứ 62, thứ 63, thứ 64, thứ 65, thứ 66, thứ 67, thứ 68, thứ 69, thứ 70, thứ 71, thứ 72, thứ 73, thứ 74, thứ 75, thứ 76, thứ 77, thứ 78, thứ 79, thứ 80, thứ 81, thứ 82, thứ 83, thứ 84, thứ 85, thứ 86, thứ 87, thứ 88, thứ 89, thứ 90 và thứ 91 hoặc phương án trước bất kỳ khác của khía cạnh thứ nhất, trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza tương đồng ít nhất là 85% với hai hoặc nhiều trình tự axit amin của SEQ ID NO: 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 56, 57, 58, 59, 60, 61, 62, 63, 64, 65, 66, 67, 68, 69, 70, 71, 72, 73, 74, 75, 76, 77, 78 79, 84, 85, 86, 87, 88, 89, 90, 91, 92, 93, 94, 95, 96, 97, 98, 99, 100, 101, 102, 103, 104, 105, 106, 107, 108, 109, 110, 111, 112, 113, 114, 115, 116, 117, 118, 119, 120, 121, 122, 123, 124, 125, 126, 127, 128, 129,

130, 131, 132, 133, 134, 135, 136, 137, 138, 139, 140, 141, 142, 143, 144, 145, 146, 147, 148, 149, 150, 151, 152, 153, 154, 155, 156, 157, 158, 159, hoặc 190.

Theo phương án thứ 93 của khía cạnh thứ nhất mà cũng là một phương án trong số phương án thứ 92 của khía cạnh thứ nhất, trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza tương đồng ít nhất là 85% với hai hoặc nhiều trình tự axit amin của SEQ ID NO: 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 56, 57, 58, 59, 60, 61, 62, 63, 64, 65, 66, 67, 68, 69, 70, 71, 72, 73, 74, 75, 76, 77, 78, 79, 87, 88, 89, 91, 93, 94, 95, 97, 98, 101, 103, 104, 105, 107, 109, 110, 111, 113, 114, 115, 117, 119, 121, 123, 125, 128, 130, 131, 132, 133, 134, 135, 136, 137, 138, 139, 140, 141, 146, 147, 149, 150, 151, 152, 154, 155, 156, 157, 158, 159, hoặc 190.

Theo phương án được ưu tiên của khía cạnh thứ nhất, mà cũng là một phương án trong số các phương án bất kỳ trước của khía cạnh thứ nhất, trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza tương đồng ít nhất là 85% với hai hoặc nhiều trình tự axit amin của SEQ ID NO: 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 56, 57, 58, 59, 60, 61, 62, 63, 64, 65, 66, 67, 68, 69, 70, 71, 72, 73, 74, 75, 76, 77, 78, 79, 155, 156, 157, hoặc 190.

Theo phương án thứ 94 của khía cạnh thứ nhất mà cũng là một phương án trong số phương án thứ 93 của khía cạnh thứ nhất, trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza đồng nhất ít nhất là 85% với hai hoặc nhiều trình tự axit amin của SEQ ID NO: 3, 7, 9, 10, 12, 13, 15, 20, 29, 44, 45, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 56, 57, 58, 59, 60, 61, 62, 63, 64, 65, 66, 67, 68, 69, 70, 71, 72, 73, 74, 75, 76, 77, 78, 79, 98, 104, 110, 113, 115, 121, 125, 132, 133, 134, 135, 136, 137, 138, 139, 140, 141, 147, 152, 154, 155, 156, 157, 158, 159, hoặc 190.

Theo phương án được ưu tiên của khía cạnh thứ nhất, mà cũng là một phương án trong số các phương án bất kỳ trước của khía cạnh thứ nhất, trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza đồng nhất ít nhất là 85% với hai hoặc nhiều trình tự axit amin của SEQ ID NO: 44, 45, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 56, 57, 58, 59, 60, 61, 62, 63, 64, 65, 66, 67, 68, 69, 70, 71, 72, 73, 74, 75, 76, 77, 78, 79, hoặc 190.

Theo phương án thứ 95 của khía cạnh thứ nhất mà cũng là một phương án trong số các phương án thứ 88, thứ 89, thứ 90, thứ 91, thứ 92, thứ 93 và thứ 94 hoặc phương án trước bất kỳ khác của khía cạnh thứ nhất, mức độ tương đồng của trình tự axit amin ít nhất là 86%, hoặc ít nhất là 87%, hoặc ít nhất là 88%, hoặc ít nhất là 89%, hoặc ít nhất là 90%, tốt hơn nữa nếu ít nhất là 91%, hoặc ít nhất là 92%, hoặc ít nhất là 93%, hoặc ít nhất là 94%, hoặc ít nhất là 95%, và tốt nhất là ít nhất là 96%, hoặc ít nhất là 97%, hoặc ít nhất là 98%, hoặc ít nhất là 99%, ít nhất là 99,1%, hoặc ít nhất là 99,2%, hoặc ít nhất là 99,3%, hoặc ít nhất là 99,4%, hoặc ít nhất là 99,5%, hoặc ít nhất là 99,6%, hoặc ít nhất là 99,7%, hoặc ít nhất là 99,8%, và cụ thể là ít nhất là 99,9%, hoặc 100%.

Theo phương án thứ 96 của khía cạnh thứ nhất mà cũng là một phương án trong số các phương án thứ nhất, thứ hai, thứ ba, thứ tư, thứ năm, thứ sáu, thứ bảy, thứ tám, thứ chín, thứ mười, thứ mười một, thứ mười hai, thứ 13, thứ 14, thứ 15, thứ 16, thứ 17, thứ 18, thứ 19, thứ 20, thứ 21, thứ 22, thứ 23, thứ 24, thứ 25, thứ 26, thứ 27, thứ 28, thứ 29, thứ 30, thứ 31, thứ 32, thứ 33, thứ 34, thứ 35, thứ 36, thứ 37, thứ 38, thứ 39, thứ 40, thứ 41, thứ 42, thứ 43, thứ 44, thứ 45, thứ 46, thứ 47, thứ 48, thứ 49, thứ 50, thứ 51, thứ 52, thứ 53, thứ 54, thứ 55, thứ 56, thứ 57, thứ 58, thứ 59, thứ 60, thứ 61, thứ 62, thứ 63, thứ 64, thứ 65, thứ 66, thứ 67, thứ 68, thứ 69, thứ 70, thứ 71, thứ 72, thứ 73, thứ 74, thứ 75, thứ 76, thứ 77, thứ 78, thứ 79, thứ 80, thứ 81, thứ 82, thứ 83, thứ 84, thứ 85, thứ 86, thứ 87, thứ 88, thứ 89, thứ 90, thứ 91, thứ 92, thứ 93, thứ 94 và thứ 95 hoặc phương án trước bất kỳ khác của khía cạnh thứ nhất, vấn đề cơ bản của sáng chế được giải quyết bởi polypeptit, tốt hơn là polypeptit, trong đó polypeptit chứa trình tự axit amin của SEQ ID NO: 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 56, 57, 58, 59, 60, 61, 62, 63, 64, 65, 66, 67, 68, 69, 70, 71, 72, 73, 74, 75, 76, 77, 78, 79, 84, 85, 86, 87, 88, 89, 90, 91, 92, 93, 94, 95, 96, 97, 98, 99, 100, 101, 102, 103, 104, 105, 106, 107, 108, 109, 110, 111, 112, 113, 114, 115, 116, 117, 118, 119, 120, 121, 122, 123, 124, 125, 126, 127, 128, 129, 130, 131, 132, 133, 134, 135, 136, 137, 138, 139, 140, 141, 142, 143, 144, 145, 146, 147, 148, 149, 150, 151, 152, 153, 154, 155, 156, 157, 158, 159, hoặc 190. Theo một phương án được ưu tiên, polypeptit là trehaloza phosphorylaza. Trong bản mô tả này, khi viện dẫn đến polypeptit và trehaloza

phosphorylaza theo khía cạnh thứ nhất và phương án bất kỳ của chúng, thì khía cạnh thứ nhất này bao gồm tất cả các khía cạnh phụ của nó, kể cả phương án bất kỳ của nó.

Theo phương án thứ 97 của khía cạnh thứ nhất mà cũng là một phương án trong số phương án thứ 96 của khía cạnh thứ nhất, polypeptit chứa hoặc bao gồm trình tự axit amin của SEQ ID NO: 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 56, 57, 58, 59, 60, 61, 62, 63, 64, 65, 66, 67, 68, 69, 70, 71, 72, 73, 74, 75, 76, 77, 78, 79, 87, 88, 89, 91, 93, 94, 95, 97, 98, 101, 103, 104, 105, 107, 109, 110, 111, 113, 114, 115, 117, 119, 121, 123, 125, 128, 130, 131, 132, 133, 134, 135, 136, 137, 138, 139, 140, 141, 146, 147, 149, 150, 151, 152, 154, 155, 156, 157, 158, 159, hoặc 190.

Theo phương án thứ 98 của khía cạnh thứ nhất mà cũng là một phương án trong số phương án thứ 97 của khía cạnh thứ nhất, polypeptit, tốt hơn là trehaloza phosphorylaza, chứa hoặc bao gồm trình tự axit amin của SEQ ID NO: 3, 7, 9, 10, 12, 13, 15, 20, 29, 44, 45, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 56, 57, 58, 59, 60, 61, 62, 63, 64, 65, 66, 67, 68, 69, 70, 71, 72, 73, 74, 75, 76, 77, 78, 79, 98, 104, 110, 113, 115, 121, 125, 132, 133, 134, 135, 136, 137, 138, 139, 140, 141, 147, 152, 154, 155, 156, 157, 158, 159, hoặc 190.

Theo phương án thứ 99 của khía cạnh thứ nhất mà cũng là một phương án trong số các phương án thứ nhất, thứ hai, thứ ba, thứ tư, thứ năm, thứ sáu, thứ bảy, thứ tám, thứ chín, thứ mười, thứ mười một, thứ mười hai, thứ 13, thứ 14, thứ 15, thứ 16, thứ 17, thứ 18, thứ 19, thứ 20, thứ 21, thứ 22, thứ 23, thứ 24, thứ 25, thứ 26, thứ 27, thứ 28, thứ 29, thứ 30, thứ 31, thứ 32, thứ 33, thứ 34, thứ 35, thứ 36, thứ 37, thứ 38, thứ 39, thứ 40, thứ 41, thứ 42, thứ 43, thứ 44, thứ 45, thứ 46, thứ 47, thứ 48, thứ 49, thứ 50, thứ 51, thứ 52, thứ 53, thứ 54, thứ 55, thứ 56, thứ 57, thứ 58, thứ 59, thứ 60, thứ 61, thứ 62, thứ 63, thứ 64, thứ 65, thứ 66, thứ 67, thứ 68, thứ 69, thứ 70, thứ 71, thứ 72, thứ 73, thứ 74, thứ 75, thứ 76, thứ 77, thứ 78, thứ 79, thứ 80, thứ 81, thứ 82, thứ 83, thứ 84, thứ 85, thứ 86, thứ 87, thứ 88, thứ 89, thứ 90, thứ 91, thứ 92, thứ 93, thứ 94, thứ 95, thứ 96, thứ 97 và thứ 98 hoặc phương án trước bất kỳ khác của khía cạnh thứ nhất, polypeptit, tốt hơn là trehaloza phosphorylaza, có khả năng xúc tác phản ứng của glycosyl monosacarit và alpha-D-glucoza-1 phosphat.

Theo phương án thứ 100 của khía cạnh thứ nhất mà cũng là một phương án trong số phương án thứ 99 của khía cạnh thứ nhất, polypeptit, tốt hơn là trehaloza phosphorylaza có khả năng xúc tác quá trình chuyển hóa của

glucoza và alpha-D-glucoza-1 phosphat thành trehaloza và phosphat vô cơ

và/hoặc

chuyển hóa của

trehaloza và phosphat vô cơ thành glucoza và alpha-D-glucoza-1 phosphat.

Theo phương án thứ 101 của khía cạnh thứ nhất mà cũng là một phương án trong số các phương án thứ 99 và thứ 100 của khía cạnh thứ nhất, quá trình chuyển hóa này là chuyển hóa thuận nghịch.

Theo phương án thứ 102 của khía cạnh thứ nhất mà cũng là một phương án trong số các phương án thứ nhất, thứ hai, thứ ba, thứ tư, thứ năm, thứ sáu, thứ bảy, thứ tám, thứ chín, thứ mười, thứ mười một, thứ mười hai, thứ 13, thứ 14, thứ 15, thứ 16, thứ 17, thứ 18, thứ 19, thứ 20, thứ 21, thứ 22, thứ 23, thứ 24, thứ 25, thứ 26, thứ 27, thứ 28, thứ 29, thứ 30, thứ 31, thứ 32, thứ 33, thứ 34, thứ 35, thứ 36, thứ 37, thứ 38, thứ 39, thứ 40, thứ 41, thứ 42, thứ 43, thứ 44, thứ 45, thứ 46, thứ 47, thứ 48, thứ 49, thứ 50, thứ 51, thứ 52, thứ 53, thứ 54, thứ 55, thứ 56, thứ 57, thứ 58, thứ 59, thứ 60, thứ 61, thứ 62, thứ 63, thứ 64, thứ 65, thứ 66, thứ 67, thứ 68, thứ 69, thứ 70, thứ 71, thứ 72, thứ 73, thứ 74, thứ 75, thứ 76, thứ 77, thứ 78, thứ 79, thứ 80, thứ 81, thứ 82, thứ 83, thứ 84, thứ 85, thứ 86, thứ 87, thứ 88, thứ 89, thứ 90, thứ 91, thứ 92, thứ 93, thứ 94, thứ 95, thứ 96, thứ 97, thứ 98, thứ 99, thứ 100 và thứ 101 hoặc phương án trước bất kỳ khác của khía cạnh thứ nhất, polypeptit, tốt hơn là trehaloza phosphorylaza là trehaloza phosphorylaza theo chỉ số phân loại theo hệ EC là EC 2.4.1.231.

Theo phương án thứ 103 của khía cạnh thứ nhất mà cũng là một phương án trong số các phương án thứ nhất, thứ hai, thứ ba, thứ tư, thứ năm, thứ sáu, thứ bảy, thứ tám, thứ chín, thứ mười, thứ mười một, thứ mười hai, thứ 13, thứ 14, thứ 15, thứ 16, thứ 17, thứ 18, thứ 19, thứ 20, thứ 21, thứ 22, thứ 23, thứ 24, thứ 25, thứ 26, thứ 27, thứ 28, thứ 29, thứ 30, thứ 31, thứ 32, thứ 33, thứ 34, thứ 35, thứ 36, thứ 37, thứ 38, thứ 39, thứ 40, thứ 41, thứ 42, thứ 43, thứ 44, thứ 45, thứ 46, thứ 47, thứ 48, thứ 49, thứ 50, thứ 51, thứ 52,

thứ 53, thứ 54, thứ 55, thứ 56, thứ 57, thứ 58, thứ 59, thứ 60, thứ 61, thứ 62, thứ 63, thứ 64, thứ 65, thứ 66, thứ 67, thứ 68, thứ 69, thứ 70, thứ 71, thứ 72, thứ 73, thứ 74, thứ 75, thứ 76, thứ 77, thứ 78, thứ 79, thứ 80, thứ 81, thứ 82, thứ 83, thứ 84, thứ 85, thứ 86, thứ 87, thứ 88, thứ 89, thứ 90, thứ 91, thứ 92, thứ 93, thứ 94, thứ 95, thứ 96, thứ 97, thứ 98, thứ 99, thứ 100, thứ 101 và thứ 102 hoặc phương án trước bất kỳ khác của khía cạnh thứ nhất, polypeptit, tốt hơn là trehaloza phosphorylaza, có ít nhất là một trong số các đặc tính (A), (B), (C), (D) và (E), hoặc kết hợp chúng theo cách bất kỳ,

trong đó đặc tính (A) là tính ổn định nhiệt sau khi ủ ở nhiệt độ 52°C trong thời gian 15 phút được xác định theo hoạt tính còn lại nằm trong khoảng

i) từ 30% đến 90%, tốt hơn là từ 39% đến 90%, tốt hơn là từ 42% đến 90%, tốt hơn là từ 54% đến 90%, tốt hơn là từ 55% đến 90%, và còn tốt hơn nữa là từ 63% đến 90%, còn tốt hơn nữa là từ 64% đến 90%, còn tốt hơn nữa là từ 68% đến 90%, và tốt nhất là từ 64% đến 86%, và/hoặc

ii) từ 30% đến 90%, tốt hơn là từ 31% đến 90%, tốt hơn là từ 32% đến 90%, tốt hơn là từ 33% đến 90%, tốt hơn là từ 34% đến 90%, tốt hơn là từ 35% đến 90%, tốt hơn là từ 36% đến 90%, tốt hơn là từ 37% đến 90%, tốt hơn là từ 38% đến 90%, tốt hơn là từ 39% đến 90%, tốt hơn là từ 40% đến 90%, tốt hơn là từ 41% đến 90%, tốt hơn là từ 42% đến 90%, tốt hơn là từ 43% đến 90%, tốt hơn là từ 44% đến 90%, tốt hơn là từ 45% đến 90%, tốt hơn là từ 46% đến 90%, tốt hơn là từ 47% đến 90%, tốt hơn là từ 48% đến 90%, tốt hơn là từ 49% đến 90%, còn tốt hơn nữa là từ 50% đến 90%, còn tốt hơn nữa là từ 51% đến 90%, còn tốt hơn nữa là từ 52% đến 90%, còn tốt hơn nữa là từ 53% đến 90%, còn tốt hơn nữa là từ 54% đến 90%, còn tốt hơn nữa là từ 55% đến 90%, còn tốt hơn nữa là từ 60% đến 90%, còn tốt hơn nữa là từ 61% đến 90%, còn tốt hơn nữa là từ 65% đến 90%, còn tốt hơn nữa là từ 70% đến 90%, còn tốt hơn nữa là từ 75% đến 90%, và tốt nhất là từ 72% đến 81%, và/hoặc

iii) từ 55% đến 100%, tốt hơn là từ 60% đến 100%, tốt hơn là từ 70% đến 100%, tốt hơn là từ 75% đến 100%, tốt hơn là từ 76% đến 100%, tốt hơn là từ 77% đến 100%, tốt hơn là từ 78% đến 100%, tốt hơn là từ 79% đến 100%, tốt hơn là từ 80% đến 100%, tốt hơn là từ 81% đến 100%, tốt hơn là từ 82% đến 100%, tốt hơn là từ 83% đến 100%, tốt hơn là từ 84% đến 100%, tốt hơn là từ 85% đến 100%, tốt hơn là từ 86% đến 100%, tốt hơn là từ 87% đến 100%, tốt hơn là từ 88% đến 100%, tốt hơn là từ 89% đến 100%,

còn tốt hơn nữa là từ 90% đến 100%, còn tốt hơn nữa là từ 91% đến 100%, còn tốt hơn nữa là từ 92% đến 100%, còn tốt hơn nữa là từ 93% đến 100%, còn tốt hơn nữa là từ 94% đến 100%, còn tốt hơn nữa là từ 95% đến 100%, còn tốt hơn nữa là từ 96% đến 100%, còn tốt hơn nữa là từ 97% đến 100%, còn tốt hơn nữa là từ 98% đến 100%, còn tốt hơn nữa là từ 99% đến 100%, và tốt nhất là 100%,

và

trong đó đặc tính (B) là tính ổn định nhiệt sau khi ủ ở nhiệt độ 52°C trong thời gian 15 phút mà khác biệt ở chỗ

i) trị số *Tm30* thấp nhất là 52°C, và/hoặc

ii) trị số *Tm50* thấp nhất là 52°C,

và

trong đó đặc tính (C) là tính ổn định nhiệt đặc trưng bởi

i) trị số *Tm30* nằm trong khoảng từ 52°C đến 90°C, tốt hơn là từ 52°C đến 80°C, tốt hơn là từ 52,5°C đến 80°C, tốt hơn là từ 53°C đến 80°C, tốt hơn là từ 53,5°C đến 80°C, tốt hơn nữa là từ 54°C đến 80°C, tốt hơn là từ 54,5°C đến 80°C, còn tốt hơn nữa là từ 55°C đến 80°C, tốt hơn là từ 55,5°C đến 80°C, tốt hơn là từ 56°C đến 80°C, tốt hơn là từ 56,5°C đến 80°C, tốt hơn là từ 57°C đến 80°C, tốt hơn là từ 57,5°C đến 80°C, tốt hơn là từ 58°C đến 80°C, tốt hơn là từ 58,5°C đến 80°C, còn tốt hơn nữa là từ 52°C đến 70°C, còn tốt hơn nữa là từ 52,5°C đến 70°C, còn tốt hơn nữa là từ 53°C đến 70°C, còn tốt hơn nữa là từ 53,5°C đến 70°C, còn tốt hơn nhiều nữa là từ 54°C đến 70°C, còn tốt hơn nữa là từ 54,5°C đến 70°C, còn tốt hơn nhiều nữa là từ 55°C đến 70°C, còn tốt hơn nữa là từ 55,5°C đến 70°C, còn tốt hơn nữa là từ 56°C đến 70°C, còn tốt hơn nữa là từ 56,5°C đến 70°C, còn tốt hơn nữa là từ 57°C đến 70°C, còn tốt hơn nữa là từ 57,5°C đến 70°C, còn tốt hơn nữa là từ 58°C đến 70°C, còn tốt hơn nữa là từ 58,5°C đến 70°C, còn tốt hơn nữa là từ 52°C đến 65°C, còn tốt hơn nữa là từ 52,5°C đến 65°C, còn tốt hơn nữa là từ 53°C đến 65°C, còn tốt hơn nữa là từ 53,5°C đến 65°C, còn tốt hơn nhiều nữa là từ 54°C đến 65°C, còn tốt hơn nữa là từ 54,5°C đến 65°C, còn tốt hơn nhiều nữa là từ 55°C đến 65°C, còn tốt hơn nữa là từ 55,5°C đến 65°C, còn tốt hơn nữa là từ 56°C đến 65°C, còn tốt hơn nữa là từ 56,5°C đến 65°C, còn tốt hơn nữa là từ 57°C đến 65°C, còn tốt hơn nữa là từ 57,5°C đến 65°C, còn tốt hơn nữa là từ 58°C đến 65°C, còn tốt

hơn nữa là từ 58,5°C đến 65°C, còn tốt hơn nữa là từ 52°C đến 60°C, còn tốt hơn nữa là từ 52,5°C đến 60°C, còn tốt hơn nữa là từ 53°C đến 60°C, còn tốt hơn nữa là từ 53,5°C đến 60°C, còn tốt hơn nhiều nữa là từ 54°C đến 60°C, còn tốt hơn nữa là từ 54,5°C đến 60°C, còn tốt hơn nhiều nữa là từ 55°C đến 60°C, còn tốt hơn nữa là từ 55,5°C đến 60°C, còn tốt hơn nữa là từ 56°C đến 60°C, còn tốt hơn nữa là từ 56,5°C đến 60°C, còn tốt hơn nữa là từ 57°C đến 60°C, còn tốt hơn nữa là từ 57,5°C đến 60°C, còn tốt hơn nữa là từ 58°C đến 60°C, còn tốt hơn nữa là từ 58,5°C đến 60°C, và tốt nhất là từ 53,5°C đến 58,5°C và/hoặc

ii) trị số *Tm50* nằm trong khoảng từ 52°C đến 90°C, tốt hơn là từ 52°C đến 80°C, tốt hơn là từ 52,5°C đến 80°C, tốt hơn là từ 53°C đến 80°C, tốt hơn là từ 53,5°C đến 80°C, tốt hơn nữa là từ 54°C đến 80°C, tốt hơn là từ 54,5°C đến 80°C, còn tốt hơn nữa là từ 55°C đến 80°C, tốt hơn là từ 55,5°C đến 80°C, tốt hơn là từ 56°C đến 80°C, tốt hơn là từ 56,5°C đến 80°C, tốt hơn là từ 57°C đến 80°C, tốt hơn là từ 57,5°C đến 80°C, còn tốt hơn nữa là từ 52°C đến 70°C, còn tốt hơn nữa là từ 52,5°C đến 70°C, còn tốt hơn nữa là từ 53°C đến 70°C, còn tốt hơn nữa là từ 53,5°C đến 70°C, còn tốt hơn nhiều nữa là từ 54°C đến 70°C, còn tốt hơn nữa là từ 54,5°C đến 70°C, còn tốt hơn nhiều nữa là từ 55°C đến 70°C, còn tốt hơn nữa là từ 55,5°C đến 70°C, còn tốt hơn nữa là từ 56°C đến 70°C, còn tốt hơn nữa là từ 56,5°C đến 70°C, còn tốt hơn nữa là từ 57°C đến 70°C, còn tốt hơn nữa là từ 57,5°C đến 70°C, còn tốt hơn nữa là từ 52°C đến 65°C, còn tốt hơn nữa là từ 52,5°C đến 65°C, còn tốt hơn nữa là từ 53°C đến 65°C, còn tốt hơn nữa là từ 53,5°C đến 65°C, còn tốt hơn nhiều nữa là từ 54°C đến 65°C, còn tốt hơn nữa là từ 54,5°C đến 65°C, còn tốt hơn nhiều nữa là từ 55°C đến 65°C, còn tốt hơn nữa là từ 55,5°C đến 65°C, còn tốt hơn nữa là từ 56°C đến 65°C, còn tốt hơn nữa là từ 56,5°C đến 65°C, còn tốt hơn nữa là từ 57°C đến 65°C, còn tốt hơn nữa là từ 57,5°C đến 65°C, còn tốt hơn nữa là từ 52°C đến 60°C, còn tốt hơn nữa là từ 52,5°C đến 60°C, còn tốt hơn nữa là từ 53°C đến 60°C, còn tốt hơn nữa là từ 53,5°C đến 60°C, còn tốt hơn nhiều nữa là từ 54°C đến 60°C, còn tốt hơn nữa là từ 54,5°C đến 60°C, còn tốt hơn nhiều nữa là từ 55°C đến 60°C, còn tốt hơn nữa là từ 55,5°C đến 60°C, còn tốt hơn nữa là từ 56°C đến 60°C, còn tốt hơn nữa là từ 56,5°C đến 60°C, còn tốt hơn nữa là từ 57°C đến 60°C, còn tốt hơn nữa là từ 57,5°C đến 60°C, và tốt nhất là từ 52°C đến 57,5°C

và

trong đó đặc tính (D) là tính ổn định nhiệt đặc trưng bởi

i) tính ổn định trong quá trình xử lý, đặc trưng bởi thời gian bán tồn ở nhiệt độ 45°C nằm trong khoảng từ 3 giờ đến 9 ngày hoặc lâu hơn, tốt hơn là nằm trong khoảng từ 24 giờ đến 9 ngày hoặc lâu hơn, tốt hơn là nằm trong khoảng từ 39 giờ đến 9 ngày hoặc lâu hơn, tốt hơn là nằm trong khoảng từ 2 ngày đến 9 ngày hoặc lâu hơn, tốt hơn nữa nằm trong khoảng từ 4 ngày đến 9 ngày hoặc lâu hơn, tốt hơn nữa nằm trong khoảng từ 5,5 ngày đến 9 ngày hoặc lâu hơn, tốt hơn nữa nằm trong khoảng từ ít nhất 7 ngày đến 9 ngày hoặc lâu hơn, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 9 ngày hoặc lâu hơn, và tốt nhất là 9 ngày;

ii) tính ổn định trong quá trình xử lý, đặc trưng bởi thời gian bán tồn ở nhiệt độ 45°C nằm trong khoảng từ 24 giờ đến 9 ngày hoặc lâu hơn, tốt hơn nữa nằm trong khoảng từ 39 giờ đến 9 ngày hoặc lâu hơn, tốt hơn nữa nằm trong khoảng từ 2 ngày đến 9 ngày hoặc lâu hơn, tốt hơn nữa nằm trong khoảng từ 4 ngày đến 9 ngày hoặc lâu hơn, tốt hơn nữa nằm trong khoảng từ 5,5 ngày đến 9 ngày hoặc lâu hơn, tốt hơn nữa nằm trong khoảng từ 7 ngày đến 9 ngày hoặc lâu hơn, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 9 ngày hoặc lâu hơn, và tốt nhất là 9 ngày;

iii) tính ổn định trong quá trình xử lý, đặc trưng bởi thời gian bán tồn ở nhiệt độ 45°C nằm trong khoảng từ 4 ngày đến 9 ngày hoặc lâu hơn, tốt hơn là nằm trong khoảng từ 5,5 ngày đến 9 ngày hoặc lâu hơn, tốt hơn nữa nằm trong khoảng từ 7 ngày đến 9 ngày hoặc lâu hơn, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 9 ngày hoặc lâu hơn, và tốt nhất là 9 ngày;

và

trong đó đặc tính (E) là hoạt tính tương đối được thể hiện ở dạng tỷ lệ 100/500 nằm trong khoảng

i) từ 0,65 đến 1,0, tốt hơn là nằm trong khoảng từ 0,7 đến 1,0, tốt hơn là nằm trong khoảng từ 0,75 đến 1,0, tốt hơn là nằm trong khoảng từ 0,8 đến 1,0, tốt hơn là nằm trong khoảng từ 0,85 đến 1,0, tốt hơn là nằm trong khoảng từ 0,9 đến 1,0, tốt hơn là nằm trong khoảng từ 0,95 đến 1,0, và tốt hơn nữa nằm trong khoảng từ ít nhất 0,7 đến 1,0;

ii) từ 0,65 đến 1,0, tốt hơn là nằm trong khoảng từ 0,7 đến 1,0, tốt hơn là nằm trong khoảng từ 0,75 đến 1,0, tốt hơn là nằm trong khoảng từ 0,8 đến 1,0, tốt hơn là nằm

trong khoảng từ 0,85 đến 1,0, tốt hơn là nằm trong khoảng từ 0,9 đến 1,0, tốt hơn là nằm trong khoảng từ 0,95 đến 1,0, và tốt hơn nữa nằm trong khoảng từ 0,8 đến 1,0;

trong đó tỷ lệ 100/500 được xác định là tỷ lệ giữa

[hoạt tính trehaloza ở 100mM glucoza và 100mM alpha-glucoza-1 phosphat]/

[hoạt tính trehaloza ở 500mM glucoza và 100mM alpha-glucoza-1 phosphat].

Theo phương án thứ 104 của khía cạnh thứ nhất mà cũng là một phương án trong số phương án thứ 103 của khía cạnh thứ nhất, polypeptit, tốt hơn là trehaloza phosphorylaza, có tính ổn định nhiệt sau khi ủ ở nhiệt độ 52°C trong thời gian 15 phút được xác định theo hoạt tính còn lại nằm trong khoảng

từ 30% đến 90%, tốt hơn là từ 39% đến 90%, tốt hơn là từ 42% đến 90%, tốt hơn là từ 54% đến 90%, tốt hơn là từ 55% đến 90%, và còn tốt hơn nữa là từ 63% đến 90%, còn tốt hơn nữa là từ 64% đến 90%, còn tốt hơn nữa là từ 68% đến 90%, và tốt nhất là từ 64% đến 86%; và/hoặc

từ 30% đến 90%, tốt hơn là từ 31% đến 90%, tốt hơn là từ 32% đến 90%, tốt hơn là từ 33% đến 90%, tốt hơn là từ 34% đến 90%, tốt hơn là từ 35% đến 90%, tốt hơn là từ 36% đến 90%, tốt hơn là từ 37% đến 90%, tốt hơn là từ 38% đến 90%, tốt hơn là từ 39% đến 90%, tốt hơn là từ 40% đến 90%, tốt hơn là từ 41% đến 90%, tốt hơn là từ 42% đến 90%, tốt hơn là từ 43% đến 90%, tốt hơn là từ 44% đến 90%, tốt hơn là từ 45% đến 90%, tốt hơn là từ 46% đến 90%, tốt hơn là từ 47% đến 90%, tốt hơn là từ 48% đến 90%, tốt hơn là từ 49% đến 90%, còn tốt hơn nữa là từ 50% đến 90%, còn tốt hơn nữa là từ 51% đến 90%, còn tốt hơn nữa là từ 52% đến 90%, còn tốt hơn nữa là từ 53% đến 90%, còn tốt hơn nữa là từ 54% đến 90%, còn tốt hơn nữa là từ 55% đến 90%, còn tốt hơn nữa là từ 60% đến 90%, còn tốt hơn nữa là từ 61% đến 90%, còn tốt hơn nữa là từ 65% đến 90%, còn tốt hơn nữa là từ 70% đến 90%, còn tốt hơn nữa là từ 75% đến 90%, và tốt nhất là từ 72% đến 81%, và/hoặc

từ 55% đến 100%, tốt hơn là từ 60% đến 100%, tốt hơn là từ 70% đến 100%, tốt hơn là từ 75% đến 100%, tốt hơn là từ 76% đến 100%, tốt hơn là từ 77% đến 100%, tốt hơn là từ 78% đến 100%, tốt hơn là từ 79% đến 100%, tốt hơn là từ 80% đến 100%, tốt hơn là từ 81% đến 100%, tốt hơn là từ 82% đến 100%, tốt hơn là từ 83% đến 100%, tốt hơn là từ 84% đến 100%, tốt hơn là từ 85% đến 100%, tốt hơn là từ 86% đến 100%, tốt hơn là

từ 87% đến 100%, tốt hơn là từ 88% đến 100%, tốt hơn là từ 89% đến 100%, còn tốt hơn nữa là từ 90% đến 100%, còn tốt hơn nữa là từ 91% đến 100%, còn tốt hơn nữa là từ 92% đến 100%, còn tốt hơn nữa là từ 93% đến 100%, còn tốt hơn nữa là từ 94% đến 100%, còn tốt hơn nữa là từ 95% đến 100%, còn tốt hơn nữa là từ 96% đến 100%, còn tốt hơn nữa là từ 97% đến 100%, còn tốt hơn nữa là từ 98% đến 100%, còn tốt hơn nữa là từ 99% đến 100%, và tốt nhất là 100%.

Theo phương án thứ 105 của khía cạnh thứ nhất mà cũng là một phương án trong số các phương án thứ 103 và thứ 104 của khía cạnh thứ nhất, polypeptit, tốt hơn là trehaloza phosphorylaza, có tính ổn định nhiệt đặc trưng bởi trị số *Tm30* thấp nhất là 52°C.

Theo phương án thứ 106 của khía cạnh thứ nhất mà cũng là một phương án trong số các phương án thứ 103, thứ 104 và thứ 105 của khía cạnh thứ nhất, polypeptit, tốt hơn là trehaloza phosphorylaza, có thời gian bán tồn ở nhiệt độ 45°C nằm trong khoảng từ 3 giờ đến 9 ngày hoặc lâu hơn, tốt hơn là nằm trong khoảng từ 24 giờ đến 9 ngày hoặc lâu hơn, tốt hơn là nằm trong khoảng từ 39 giờ đến 9 ngày hoặc lâu hơn, tốt hơn là nằm trong khoảng từ 2 ngày đến 9 ngày hoặc lâu hơn, tốt hơn nữa nằm trong khoảng từ 4 ngày đến 9 ngày hoặc lâu hơn, tốt hơn nữa nằm trong khoảng từ 5,5 ngày đến 9 ngày hoặc lâu hơn, tốt hơn nữa nằm trong khoảng từ 7 ngày đến 9 ngày hoặc lâu hơn, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 9 ngày hoặc lâu hơn, và tốt nhất là 9 ngày.

Theo phương án thứ 107 của khía cạnh thứ nhất mà cũng là một phương án trong số các phương án thứ 103, thứ 104, thứ 105 và thứ 106 của khía cạnh thứ nhất, polypeptit, tốt hơn là trehaloza phosphorylaza, có hoạt tính tương đối được thể hiện ở dạng tỷ lệ 100/500 nằm trong khoảng từ 0,65 đến 1,0, tốt hơn là nằm trong khoảng từ 0,7 đến 1,0, tốt hơn là nằm trong khoảng từ 0,75 đến 1,0, tốt hơn là nằm trong khoảng từ 0,8 đến 1,0, tốt hơn là nằm trong khoảng từ 0,85 đến 1,0, tốt hơn là nằm trong khoảng từ 0,9 đến 1,0, tốt hơn là nằm trong khoảng từ 0,95 đến 1,0, và tốt hơn nữa nằm trong khoảng từ 0,7 đến 1,0.

Theo phương án thứ 108 của khía cạnh thứ nhất mà cũng là một phương án trong số các phương án thứ 103, thứ 104, thứ 105, thứ 106 và thứ 107 của khía cạnh thứ nhất,

trong đó polypeptit là phương án bất kỳ trong số các phương án thứ 26, thứ 27, thứ 28, thứ 29, thứ 30, thứ 33, thứ 34, thứ 41, thứ 42, thứ 43, thứ 44, thứ 45, thứ 46, thứ 55, thứ 67, thứ 68, thứ 75, thứ 76, thứ 77, thứ 78, thứ 79, thứ 80, thứ 81, thứ 84, thứ 88, thứ 89, thứ 92, thứ 99, thứ 100 và thứ 102 hoặc phương án trước bất kỳ khác của khía cạnh thứ nhất, tốt hơn là phương án bất kỳ trong số các phương án thứ 26, thứ 27, thứ 28, thứ 29, thứ 30, thứ 33, thứ 55, thứ 67, thứ 68, thứ 75, thứ 76, thứ 77, thứ 78, thứ 79, thứ 80, thứ 81, thứ 84, thứ 88, thứ 89, thứ 92, thứ 99, thứ 100 và thứ 102 theo khía cạnh thứ nhất.

Theo phương án thứ 109 của khía cạnh thứ nhất mà cũng là một phương án trong số phương án thứ 103 của khía cạnh thứ nhất, polypeptit, tốt hơn là trehaloza phosphorylaza, có tính ổn định nhiệt sau khi ủ ở nhiệt độ 52°C trong thời gian 15 phút được xác định theo hoạt tính còn lại nằm trong khoảng

từ 30% đến 90%, tốt hơn là từ 31% đến 90%, tốt hơn là từ 32% đến 90%, tốt hơn là từ 33% đến 90%, tốt hơn là từ 34% đến 90%, tốt hơn là từ 35% đến 90%, tốt hơn là từ 36% đến 90%, tốt hơn là từ 37% đến 90%, tốt hơn là từ 38% đến 90%, tốt hơn là từ 39% đến 90%, tốt hơn là từ 40% đến 90%, tốt hơn là từ 41% đến 90%, tốt hơn là từ 42% đến 90%, tốt hơn là từ 43% đến 90%, tốt hơn là từ 44% đến 90%, tốt hơn là từ 45% đến 90%, tốt hơn là từ 46% đến 90%, tốt hơn là từ 47% đến 90%, tốt hơn là từ 48% đến 90%, tốt hơn là từ 49% đến 90%, còn tốt hơn nữa là từ 50% đến 90%, còn tốt hơn nữa là từ 51% đến 90%, còn tốt hơn nữa là từ 52% đến 90%, còn tốt hơn nữa là từ 53% đến 90%, còn tốt hơn nữa là từ 54% đến 90%, còn tốt hơn nữa là từ 55% đến 90%, còn tốt hơn nữa là từ 60% đến 90%, còn tốt hơn nữa là từ 61% đến 90%, còn tốt hơn nữa là từ 65% đến 90%, còn tốt hơn nữa là từ 70% đến 90%, còn tốt hơn nữa là từ 75% đến 90%, và tốt nhất là từ 72% đến 81%, và/hoặc

từ 55% đến 100%, tốt hơn là từ 60% đến 100%, tốt hơn là từ 70% đến 100%, tốt hơn là từ 75% đến 100%, tốt hơn là từ 76% đến 100%, tốt hơn là từ 77% đến 100%, tốt hơn là từ 78% đến 100%, tốt hơn là từ 79% đến 100%, tốt hơn là từ 80% đến 100%, tốt hơn là từ 81% đến 100%, tốt hơn là từ 82% đến 100%, tốt hơn là từ 83% đến 100%, tốt hơn là từ 84% đến 100%, tốt hơn là từ 85% đến 100%, tốt hơn là từ 86% đến 100%, tốt hơn là từ 87% đến 100%, tốt hơn là từ 88% đến 100%, tốt hơn là từ 89% đến 100%, còn tốt hơn nữa là từ 90% đến 100%, còn tốt hơn nữa là từ 91% đến 100%, còn tốt hơn nữa là từ 92% đến 100%, còn tốt hơn nữa là từ 93% đến 100%, còn tốt hơn nữa là từ 94% đến

100%, còn tốt hơn nữa là từ 95% đến 100%, còn tốt hơn nữa là từ 96% đến 100%, còn tốt hơn nữa là từ 97% đến 100%, còn tốt hơn nữa là từ 98% đến 100%, còn tốt hơn nữa là từ 99% đến 100%, và tốt nhất là 100%.

Theo phương án thứ 110 của khía cạnh thứ nhất mà cũng là một phương án trong số các phương án thứ 103, thứ 104, thứ 105, thứ 106, thứ 107, thứ 108 và thứ 109 của khía cạnh thứ nhất, polypeptit, tốt hơn là trehaloza phosphorylaza, có tính ổn định nhiệt đặc trưng bởi trị số *Tm30* thấp nhất là 52°C và/hoặc trị số *Tm50* thấp nhất là 52°C.

Theo phương án thứ 111 của khía cạnh thứ nhất mà cũng là một phương án trong số các phương án thứ 103, thứ 104, thứ 105, thứ 106, thứ 107, thứ 108, thứ 109 và thứ 110 của khía cạnh thứ nhất, polypeptit, tốt hơn là trehaloza phosphorylaza, có thời gian bán tồn ở nhiệt độ 45°C nằm trong khoảng từ 1 ngày đến 9 ngày, tốt hơn nữa nằm trong khoảng từ 2 ngày đến 9 ngày, tốt hơn nữa nằm trong khoảng từ 4 ngày đến 9 ngày, tốt hơn nữa nằm trong khoảng từ 5,5 ngày đến 9 ngày, tốt hơn nữa nằm trong khoảng từ 7 ngày đến 9 ngày, tốt nhất là 9 ngày.

Theo phương án thứ 112 của khía cạnh thứ nhất mà cũng là một phương án trong số các phương án thứ 103, thứ 104, thứ 105, thứ 106, thứ 107, thứ 108, thứ 109, thứ 110 và thứ 111 của khía cạnh thứ nhất, polypeptit, tốt hơn là trehaloza phosphorylaza, có hoạt tính tương đối được thể hiện ở dạng tỷ lệ 100/500 nằm trong khoảng từ 0,65 đến 1,0, tốt hơn là nằm trong khoảng từ 0,7 đến 1,0, tốt hơn là nằm trong khoảng từ 0,75 đến 1,0, tốt hơn là nằm trong khoảng từ 0,8 đến 1,0, tốt hơn là nằm trong khoảng từ 0,85 đến 1,0, tốt hơn là nằm trong khoảng từ 0,9 đến 1,0, tốt hơn là nằm trong khoảng từ 0,95 đến 1,0, và tốt hơn nữa nằm trong khoảng từ 0,7 đến 1,0.

Theo phương án thứ 113 của khía cạnh thứ nhất mà cũng là một phương án trong số các phương án thứ 109, thứ 110, thứ 111 và thứ 112 của khía cạnh thứ nhất, polypeptit, tốt hơn là trehaloza phosphorylaza, là một trong số các phương án thứ 27, thứ 28, thứ 29, thứ 31, thứ 35, thứ 36, thứ 41, thứ 42, thứ 43, thứ 44, thứ 45, thứ 46, thứ 57, thứ 69, thứ 70, thứ 75, thứ 76, thứ 77, thứ 78, thứ 79, thứ 80, thứ 82, thứ 84, thứ 88, thứ 90, thứ 93, thứ 99, thứ 100 và thứ 102, hoặc phương án trước bất kỳ khác của khía cạnh thứ nhất, tốt hơn là phương án bất kỳ trong số các phương án thứ 27, thứ 28, thứ 29, thứ 31, thứ 35,

thứ 36, thứ 57, thứ 69, thứ 70, thứ 75, thứ 76, thứ 77, thứ 78, thứ 79, thứ 80, thứ 82, thứ 84, thứ 88, thứ 90, thứ 93, thứ 99, thứ 100 và thứ 102 của khía cạnh thứ nhất.

Theo phương án thứ 114 của khía cạnh thứ nhất mà cũng là một phương án trong phương án thứ 113 của khía cạnh thứ nhất, polypeptit, polypeptit, tốt hơn là trehaloza phosphorylaza, có tính ổn định nhiệt sau khi ủ ở nhiệt độ 52°C trong thời gian 15 phút được xác định bởi hoạt tính còn lại từ 55% đến 100%, tốt hơn là từ 60% đến 100%, tốt hơn là từ 70% đến 100%, tốt hơn là từ 75% đến 100%, tốt hơn là từ 76% đến 100%, tốt hơn là từ 77% đến 100%, tốt hơn là từ 78% đến 100%, tốt hơn là từ 79% đến 100%, tốt hơn là từ 80% đến 100%, tốt hơn là từ 81% đến 100%, tốt hơn là từ 82% đến 100%, tốt hơn là từ 83% đến 100%, tốt hơn là từ 84% đến 100%, tốt hơn là từ 85% đến 100%, tốt hơn là từ 86% đến 100%, tốt hơn là từ 87% đến 100%, tốt hơn là từ 88% đến 100%, tốt hơn là từ 89% đến 100%, còn tốt hơn nữa là từ 90% đến 100%, còn tốt hơn nữa là từ 91% đến 100%, còn tốt hơn nữa là từ 92% đến 100%, còn tốt hơn nữa là từ 93% đến 100%, còn tốt hơn nữa là từ 94% đến 100%, còn tốt hơn nữa là từ 95% đến 100%, còn tốt hơn nữa là từ 96% đến 100%, còn tốt hơn nữa là từ 97% đến 100%, còn tốt hơn nữa là từ 98% đến 100%, còn tốt hơn nữa là từ 99% đến 100%, và tốt nhất là 100%.

Theo phương án thứ 115 của khía cạnh thứ nhất mà cũng là một phương án trong số các phương án thứ 103, thứ 104, thứ 105, thứ 106, thứ 107, thứ 108, thứ 109, thứ 110, thứ 111, thứ 112, thứ 113 và thứ 114 của khía cạnh thứ nhất, polypeptit, tốt hơn là trehaloza phosphorylaza, có tính ổn định nhiệt đặc trưng bởi trị số *Tm30* thấp nhất là 52°C và/hoặc trị số *Tm50* thấp nhất là 52°C, và tốt hơn nếu được đặc trưng bởi trị số *Tm30* thấp nhất là 52°C và trị số *Tm50* thấp nhất là 52°C.

Theo phương án thứ 116 theo khía cạnh thứ nhất mà cũng là một phương án trong số các phương án thứ 103, thứ 104, thứ 105, thứ 106, thứ 107, thứ 108, thứ 109, thứ 110, thứ 111, thứ 112, thứ 113, thứ 114 và thứ 115 của khía cạnh thứ nhất, polypeptit, tốt hơn là trehaloza phosphorylaza có tính ổn định nhiệt đặc trưng bởi

i) *Tm30* nằm trong khoảng từ 52°C đến 90°C, tốt hơn là từ 52°C đến 80°C, tốt hơn là từ 52,5°C đến 80°C, tốt hơn là từ 53°C đến 80°C, tốt hơn là từ 53,5°C đến 80°C, tốt hơn nữa là từ 54°C đến 80°C, tốt hơn là từ 54,5°C đến 80°C, còn tốt hơn nữa là từ 55°C đến 80°C, tốt hơn là từ 55,5°C đến 80°C, tốt hơn là từ 56°C đến 80°C, tốt hơn là từ

56,5°C đến 80°C, tốt hơn là từ 57°C đến 80°C, tốt hơn là từ 57,5°C đến 80°C, tốt hơn là từ 58°C đến 80°C, tốt hơn là từ 58,5°C đến 80°C, còn tốt hơn nữa là từ 52°C đến 70°C, còn tốt hơn nữa là từ 52,5°C đến 70°C, còn tốt hơn nữa là từ 53°C đến 70°C, còn tốt hơn nữa là từ 53,5°C đến 70°C, còn tốt hơn nhiều nữa là từ 54°C đến 70°C, còn tốt hơn nữa là từ 54,5°C đến 70°C, còn tốt hơn nhiều nữa là từ 55°C đến 70°C, còn tốt hơn nữa là từ 55,5°C đến 70°C, còn tốt hơn nữa là từ 56°C đến 70°C, còn tốt hơn nữa là từ 56,5°C đến 70°C, còn tốt hơn nữa là từ 57°C đến 70°C, còn tốt hơn nữa là từ 57,5°C đến 70°C, còn tốt hơn nữa là từ 58°C đến 70°C, còn tốt hơn nữa là từ 58,5°C đến 70°C, còn tốt hơn nữa là từ 52°C đến 65°C, còn tốt hơn nữa là từ 52,5°C đến 65°C, còn tốt hơn nữa là từ 53°C đến 65°C, còn tốt hơn nữa là từ 53,5°C đến 65°C, còn tốt hơn nhiều nữa là từ 54°C đến 65°C, còn tốt hơn nữa là từ 54,5°C đến 65°C, còn tốt hơn nhiều nữa là từ 55°C đến 65°C, còn tốt hơn nữa là từ 55,5°C đến 65°C, còn tốt hơn nữa là từ 56°C đến 65°C, còn tốt hơn nữa là từ 56,5°C đến 65°C, còn tốt hơn nữa là từ 57°C đến 65°C, còn tốt hơn nữa là từ 57,5°C đến 65°C, còn tốt hơn nữa là từ 58°C đến 65°C, còn tốt hơn nữa là từ 58,5°C đến 65°C, còn tốt hơn nữa là từ 52°C đến 60°C, còn tốt hơn nữa là từ 52,5°C đến 60°C, còn tốt hơn nữa là từ 53°C đến 60°C, còn tốt hơn nữa là từ 53,5°C đến 60°C, còn tốt hơn nhiều nữa nằm trong khoảng từ 54°C đến 60°C, còn tốt hơn nữa nằm trong khoảng từ 54,5°C đến 60°C, còn tốt hơn nhiều nữa là từ 55°C đến 60°C, còn tốt hơn nữa là từ 55,5°C đến 60°C, còn tốt hơn nữa là từ 56°C đến 60°C, còn tốt hơn nữa là từ 56,5°C đến 60°C, còn tốt hơn nữa là từ 57°C đến 60°C, còn tốt hơn nữa là từ 57,5°C đến 60°C, còn tốt hơn nữa là từ 58°C đến 60°C, còn tốt hơn nữa là từ 58,5°C đến 60°C, và tốt nhất là từ 53,5°C đến 58,5°C và/hoặc

ii) trị số *Tm50* nằm trong khoảng từ 52°C đến 90°C, tốt hơn là từ 52°C đến 80°C, tốt hơn là từ 52,5°C đến 80°C, tốt hơn là từ 53°C đến 80°C, tốt hơn là từ 53,5°C đến 80°C, tốt hơn nữa là từ 54°C đến 80°C, tốt hơn là từ 54,5°C đến 80°C, còn tốt hơn nữa là từ 55°C đến 80°C, tốt hơn là từ 55,5°C đến 80°C, tốt hơn là từ 56°C đến 80°C, tốt hơn là từ 56,5°C đến 80°C, tốt hơn là từ 57°C đến 80°C, tốt hơn là từ 57,5°C đến 80°C, còn tốt hơn nữa là từ 52°C đến 70°C, còn tốt hơn nữa là từ 52,5°C đến 70°C, còn tốt hơn nữa là từ 53°C đến 70°C, còn tốt hơn nữa là từ 53,5°C đến 70°C, còn tốt hơn nhiều nữa là từ 54°C đến 70°C, còn tốt hơn nữa là từ 54,5°C đến 70°C, còn tốt hơn nhiều nữa là từ 55°C đến 70°C, còn tốt hơn nữa là từ 55,5°C đến 70°C, còn tốt hơn nữa là từ 56°C đến 70°C, còn tốt hơn nữa là từ 56,5°C đến 70°C, còn tốt hơn nữa là từ 57°C đến 70°C, còn

tốt hơn nữa là từ 57,5°C đến 70°C, còn tốt hơn nữa là từ 52°C đến 65°C, còn tốt hơn nữa là từ 52,5°C đến 65°C, còn tốt hơn nữa là từ 53°C đến 65°C, còn tốt hơn nữa là từ 53,5°C đến 65°C, còn tốt hơn nhiều nữa là từ 54°C đến 65°C, còn tốt hơn nữa là từ 54,5°C đến 65°C, còn tốt hơn nhiều nữa là từ 55°C đến 65°C, còn tốt hơn nữa là từ 55,5°C đến 65°C, còn tốt hơn nữa là từ 56°C đến 65°C, còn tốt hơn nữa là từ 56,5°C đến 65°C, còn tốt hơn nữa là từ 57°C đến 65°C, còn tốt hơn nữa là từ 57,5°C đến 65°C, còn tốt hơn nữa là từ 52°C đến 60°C, còn tốt hơn nữa là từ 52,5°C đến 60°C, còn tốt hơn nữa là từ 53°C đến 60°C, còn tốt hơn nữa là từ 53,5°C đến 60°C, còn tốt hơn nhiều nữa là từ 54°C đến 60°C, còn tốt hơn nữa là từ 54,5°C đến 60°C, còn tốt hơn nhiều nữa là từ 55°C đến 60°C, còn tốt hơn nữa là từ 55,5°C đến 60°C, còn tốt hơn nữa là từ 56°C đến 60°C, còn tốt hơn nữa là từ 56,5°C đến 60°C, còn tốt hơn nữa là từ 57°C đến 60°C, còn tốt hơn nữa là từ 57,5°C đến 60°C, và tốt nhất là từ 52°C đến 57,5°C.

Theo phương án thứ 117 của khía cạnh thứ nhất mà cũng là một phương án trong số các phương án thứ 103, thứ 104, thứ 105, thứ 106, thứ 107, thứ 108, thứ 109, thứ 110, thứ 111, thứ 112, thứ 113, thứ 114, thứ 115 và thứ 116 của khía cạnh thứ nhất, trong đó polypeptit, tốt hơn là trehaloza phosphorylaza có thời gian bán tồn ở nhiệt độ 45°C nằm trong khoảng từ 4 ngày đến 9 ngày hoặc lâu hơn, tốt hơn là nằm trong khoảng từ 5,5 ngày đến 9 ngày hoặc lâu hơn, tốt hơn nữa nằm trong khoảng từ 7 ngày đến 9 ngày hoặc lâu hơn, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 9 ngày hoặc lâu hơn, và tốt nhất là 9 ngày.

Theo phương án thứ 118 của khía cạnh thứ nhất mà cũng là một phương án trong số các phương án thứ 103, thứ 104, thứ 105, thứ 106, thứ 107, thứ 108, thứ 109, thứ 110, thứ 111, thứ 112, thứ 113, thứ 114, thứ 115, thứ 116 và thứ 117 của khía cạnh thứ nhất, polypeptit, tốt hơn là trehaloza phosphorylaza có hoạt tính tương đối được thể hiện ở dạng tỷ lệ 100/500 nằm trong khoảng từ 0,65 đến 1,0, tốt hơn là nằm trong khoảng từ 0,7 đến 1,0, tốt hơn là nằm trong khoảng từ 0,75 đến 1,0, tốt hơn là nằm trong khoảng từ 0,8 đến 1,0, tốt hơn là nằm trong khoảng từ 0,85 đến 1,0, tốt hơn là nằm trong khoảng từ 0,9 đến 1,0, tốt hơn là nằm trong khoảng từ 0,95 đến 1,0, và tốt hơn nữa nằm trong khoảng từ 0,8 đến 1,0.

Theo phương án thứ 119 của khía cạnh thứ nhất mà cũng là một phương án trong số các phương án thứ 114, thứ 115, thứ 116, thứ 117 của khía cạnh thứ nhất, trong đó

polypeptit, tốt hơn là trehaloza phosphorylaza, là phương án bất kỳ trong số các phương án thứ 28, thứ 29, thứ 32, thứ 37, thứ 38, thứ 39, thứ 40, thứ 41, thứ 42, thứ 43, thứ 44, thứ 45, thứ 46, thứ 59, thứ 60, thứ 61, thứ 62, thứ 71, thứ 72, thứ 73, thứ 74, thứ 75, thứ 76, thứ 77, thứ 78, thứ 79, thứ 80, thứ 82, thứ 84, thứ 88, thứ 91, thứ 94, thứ 99, thứ 100 và thứ 102 hoặc phương án trước bất kỳ khác của khía cạnh thứ nhất, tốt hơn là phương án bất kỳ trong số các phương án thứ 28, thứ 29, thứ 32, thứ 37, thứ 38, thứ 39, thứ 40, thứ 59, thứ 60, thứ 61, thứ 62, thứ 71, thứ 72, thứ 73, thứ 74, thứ 75, thứ 76, thứ 77, thứ 78, thứ 79, thứ 80, thứ 82, thứ 84, thứ 88, thứ 91, thứ 94, thứ 99, thứ 100 và thứ 102 của khía cạnh thứ nhất.

Theo phương án thứ 120 của khía cạnh thứ nhất mà cũng là một phương án trong số các phương án thứ nhất, thứ hai, thứ ba, thứ tư, thứ năm, thứ sáu, thứ bảy, thứ tám, thứ chín, thứ mười, thứ mười một, thứ mười hai, thứ 13, thứ 14, thứ 15, thứ 16, thứ 17, thứ 18, thứ 19, thứ 20, thứ 21, thứ 22, thứ 23, thứ 24, thứ 25, thứ 26, thứ 27, thứ 28, thứ 29, thứ 30, thứ 31, thứ 32, thứ 33, thứ 34, thứ 35, thứ 36, thứ 37, thứ 38, thứ 39, thứ 40, thứ 41, thứ 42, thứ 43, thứ 44, thứ 45, thứ 46, thứ 47, thứ 48, thứ 49, thứ 50, thứ 51, thứ 52, thứ 53, thứ 54, thứ 55, thứ 56, thứ 57, thứ 58, thứ 59, thứ 60, thứ 61, thứ 62, thứ 63, thứ 64, thứ 65, thứ 66, thứ 67, thứ 68, thứ 69, thứ 70, thứ 71, thứ 72, thứ 73, thứ 74, thứ 75, thứ 76, thứ 77, thứ 78, thứ 79, thứ 80, thứ 81, thứ 82, thứ 83, thứ 84, thứ 85, thứ 86, thứ 87, thứ 88, thứ 89, thứ 90, thứ 91, thứ 92, thứ 93, thứ 94, thứ 95, thứ 96, thứ 97, thứ 98, thứ 99, thứ 100, thứ 101 và thứ 102, thứ 103, thứ 104, thứ 105, thứ 106, thứ 107, thứ 108, thứ 109, thứ 110, thứ 111, thứ 112, thứ 113, thứ 114, thứ 115, thứ 116, thứ 117, thứ 118 và thứ 119 hoặc phương án trước bất kỳ khác của khía cạnh thứ nhất, tốt hơn là phương án bất kỳ trong số các phương án thứ 28, thứ 29, thứ 32, thứ 37, thứ 38, thứ 39, thứ 40 , thứ 41, thứ 42, thứ 43, thứ 44, thứ 45, thứ 46, thứ 59, thứ 60, thứ 61, thứ 62, thứ 71, thứ 72, thứ 73, thứ 74, thứ 75, thứ 76, thứ 77, thứ 78, thứ 79, thứ 80, thứ 82, thứ 84, thứ 88, thứ 91, thứ 94, thứ 99, thứ 100 và thứ 102 của khía cạnh thứ nhất, tốt hơn nữa phương án bất kỳ trong số các phương án thứ 29, thứ 32, thứ 37, thứ 38, thứ 39, thứ 40, thứ 59, thứ 60, thứ 61, thứ 62, thứ 71, thứ 72, thứ 73, thứ 74, thứ 75, thứ 76, thứ 77, thứ 78, thứ 79, thứ 80, thứ 82, thứ 84, thứ 88, thứ 91, thứ 94, thứ 99, thứ 100 và thứ 102 của khía cạnh thứ nhất, trong đó polymeraza, tốt hơn là trehaloza phosphorylaza, so với trehaloza

phosphorylaza có trình tự SEQ ID NO:1, khác biệt ở hiện tượng tăng mức độ ổn định nhiệt, theo đó mức gia tăng về mức độ ổn định nhiệt là

i) mức tăng trị số *Tm30* ít nhất là 2°C đến 40,5°C, tốt hơn là 2°C đến 30,5°C, tốt hơn nếu ít nhất là 2,5°C đến 30,5°C, tốt hơn nếu ít nhất là 3°C đến 30,5°C, tốt hơn nếu ít nhất là 3,5°C đến 30,5°C, tốt hơn nếu ít nhất là 4°C đến 30,5°C, tốt hơn nếu ít nhất là 4,5°C đến 30,5°C, tốt hơn nếu ít nhất là 5°C đến 30,5°C, tốt hơn nếu ít nhất là 5,5°C đến 30,5°C, tốt hơn nếu ít nhất là 6°C đến 30,5°C, tốt hơn nếu ít nhất là 6,5°C đến 30,5°C, tốt hơn nếu ít nhất là 7°C đến 30,5°C, tốt hơn nếu ít nhất là 7,5°C đến 30,5°C, tốt hơn nếu ít nhất là 8°C đến 30,5°C, tốt hơn nếu ít nhất là 8,5°C đến 30,5°C, tốt hơn nếu ít nhất là 9°C đến 30,5°C, tốt hơn nữa là từ 2°C đến 20,5°C, tốt hơn nữa nếu ít nhất là 2,5°C đến 20,5°C, tốt hơn nữa nếu ít nhất là 3°C đến 20,5°C, tốt hơn nữa nếu ít nhất là 3,5°C đến 20,5°C, tốt hơn nữa nếu ít nhất là 4°C đến 20,5°C, tốt hơn nữa nếu ít nhất là 4,5°C đến 20,5°C, tốt hơn nữa nếu ít nhất là 5°C đến 20,5°C, tốt hơn nữa nếu ít nhất là 5,5°C đến 20,5°C, tốt hơn nữa nếu ít nhất là 6°C đến 20,5°C, tốt hơn nữa nếu ít nhất là 6,5°C đến 20,5°C, tốt hơn nữa nếu ít nhất là 7°C đến 20,5°C, tốt hơn nữa nếu ít nhất là 7,5°C đến 20,5°C, tốt hơn nữa nếu ít nhất là 8°C đến 20,5°C, tốt hơn nữa nếu ít nhất là 8,5°C đến 20,5°C, tốt hơn nữa nếu ít nhất là 9°C đến 20,5°C, còn tốt hơn nữa là từ 2°C đến 15,5°C, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 2,5°C đến 15,5°C, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 3°C đến 15,5°C, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 3,5°C đến 15,5°C, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 4°C đến 15,5°C, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 4,5°C đến 15,5°C, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 5°C đến 15,5°C, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 5,5°C đến 15,5°C, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 6°C đến 15,5°C, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 6,5°C đến 15,5°C, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 7°C đến 15,5°C, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 7,5°C đến 15,5°C, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 8°C đến 15,5°C, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 8,5°C đến 15,5°C, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 9°C đến 15,5°C, còn tốt hơn nữa là từ 2°C đến 10,5°C, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 2,5°C đến 10,5°C, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 3°C đến 10,5°C, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 3,5°C đến 10,5°C, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 4°C đến 10,5°C, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 4,5°C đến 10,5°C, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 5°C đến 10,5°C, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 5,5°C đến 10,5°C, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 6°C đến 10,5°C, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 6,5°C đến 10,5°C, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 7°C đến 10,5°C, còn

tốt hơn nữa nếu ít nhất là 7,5°C đến 10,5°C, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 8°C đến 10,5°C, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 8,5°C đến 10,5°C, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 9°C đến 10,5°C, và tốt nhất nếu ít nhất là 4°C đến 9°C; và/hoặc

ii) tăng trị số *Tm50* ít nhất là 2°C đến 42,5°C, tốt hơn là từ 2°C đến 32,5°C, tốt hơn nếu ít nhất là 2,5°C đến 32,5°C, tốt hơn nếu ít nhất là 3°C đến 32,5°C, tốt hơn nếu ít nhất là 3,5°C đến 32,5°C, tốt hơn nếu ít nhất là 4°C đến 32,5°C, tốt hơn nếu ít nhất là 4,5°C đến 32,5°C, tốt hơn nếu ít nhất là 5°C đến 32,5°C, tốt hơn nếu ít nhất là 5,5°C đến 32,5°C, tốt hơn nếu ít nhất là 6°C đến 32,5°C, tốt hơn nếu ít nhất là 6,5°C đến 32,5°C, tốt hơn nếu ít nhất là 7°C đến 32,5°C, tốt hơn nếu ít nhất là 7,5°C đến 32,5°C, tốt hơn nếu ít nhất là 8°C đến 32,5°C, tốt hơn nếu ít nhất là 8,5°C đến 32,5°C, tốt hơn nếu ít nhất là 9°C đến 32,5°C, tốt hơn nếu ít nhất là 9,5°C đến 32,5°C, tốt hơn nếu ít nhất là 10°C đến 32,5°C, tốt hơn nữa là từ 2°C đến 22,5°C, tốt hơn nữa nếu ít nhất là 2,5°C đến 22,5°C, tốt hơn nữa nếu ít nhất là 3°C đến 22,5°C, tốt hơn nữa nếu ít nhất là 3,5°C đến 22,5°C, tốt hơn nữa nếu ít nhất là 4°C đến 22,5°C, tốt hơn nữa nếu ít nhất là 4,5°C đến 22,5°C, tốt hơn nữa nếu ít nhất là 5°C đến 22,5°C, tốt hơn nữa nếu ít nhất là 5,5°C đến 22,5°C, tốt hơn nữa nếu ít nhất là 6°C đến 22,5°C, tốt hơn nữa nếu ít nhất là 6,5°C đến 22,5°C, tốt hơn nữa nếu ít nhất là 7°C đến 22,5°C, tốt hơn nữa nếu ít nhất là 7,5°C đến 22,5°C, tốt hơn nữa nếu ít nhất là 8°C đến 22,5°C, tốt hơn nữa nếu ít nhất là 8,5°C đến 22,5°C, tốt hơn nữa nếu ít nhất là 9°C đến 22,5°C, tốt hơn nữa nếu ít nhất là 9,5°C đến 22,5°C, tốt hơn nữa nếu ít nhất là 10°C đến 22,5°C, còn tốt hơn nữa là từ 2°C đến 17,5°C, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 2,5°C đến 17,5°C, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 3°C đến 17,5°C, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 3,5°C đến 17,5°C, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 4°C đến 17,5°C, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 4,5°C đến 17,5°C, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 5°C đến 17,5°C, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 5,5°C đến 17,5°C, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 6°C đến 17,5°C, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 6,5°C đến 17,5°C, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 7°C đến 17,5°C, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 7,5°C đến 17,5°C, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 8°C đến 17,5°C, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 8,5°C đến 17,5°C, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 9°C đến 17,5°C, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 9,5°C đến 17,5°C, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 10°C đến 17,5°C, còn tốt hơn nữa là từ 2°C đến 12,5°C, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 2,5°C đến 12,5°C, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 3°C đến 12,5°C, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 3,5°C đến 12,5°C, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 4°C đến 12,5°C, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là

4,5°C đến 12,5°C, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 5°C đến 12,5°C, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 5,5°C đến 12,5°C, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 6°C đến 12,5°C, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 6,5°C đến 12,5°C, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 7°C đến 12,5°C, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 7,5°C đến 12,5°C, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 8°C đến 12,5°C, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 8,5°C đến 12,5°C, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 9°C đến 12,5°C, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 9,5°C đến 12,5°C, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 10°C đến 12,5°C, và tốt nhất nếu ít nhất là 4°C đến 9°C; và/hoặc

iii) mức độ ổn định tốt hơn trong quá trình xử lý, đặc trưng bởi thời gian bán tồn dài hơn ở nhiệt độ 45°C

i) ít nhất 3 lần đến 216 lần hoặc nhiều lần hơn, tốt hơn nếu ít nhất là 24 lần đến 216 lần hoặc nhiều lần hơn, tốt hơn nếu ít nhất là 39 lần đến 216 lần hoặc nhiều lần hơn, tốt hơn nếu ít nhất là 48 lần đến 216 lần hoặc nhiều lần hơn, tốt hơn nếu ít nhất là 96 lần đến 216 lần hoặc nhiều lần hơn, tốt hơn nếu ít nhất là 132 lần đến 216 lần hoặc nhiều lần hơn, tốt hơn nữa nếu ít nhất là 216 lần hoặc nhiều lần hơn, và tốt nhất là 216 lần;

ii) ít nhất 24 lần đến 216 lần hoặc nhiều lần hơn, tốt hơn nếu ít nhất là 39 lần đến 216 lần hoặc nhiều lần hơn, tốt hơn nếu ít nhất là 48 lần đến 216 lần hoặc nhiều lần hơn, tốt hơn nếu ít nhất là 96 lần đến 216 lần hoặc nhiều lần hơn, tốt hơn nếu ít nhất là 132 lần đến 216 lần hoặc nhiều lần hơn, tốt hơn nữa nếu ít nhất là 216 lần hoặc nhiều lần hơn, và tốt nhất là 216 lần;

iii) ít nhất 96 lần đến 216 lần hoặc nhiều lần hơn, tốt hơn nếu ít nhất là 132 lần đến 216 lần hoặc nhiều lần hơn, tốt hơn nữa nếu ít nhất là 216 lần hoặc nhiều lần hơn, và tốt nhất là 216 lần.

Cụ thể hơn, các vấn đề này và các vấn đề khác được giải quyết theo khía cạnh thứ hai, mà cũng là phương án thứ nhất của khía cạnh thứ hai, bằng polypeptit, tốt hơn là trehaloza phosphorylaza, chứa trình tự axit amin, trong đó trình tự axit amin của polypeptit, tốt hơn là của trehaloza phosphorylaza, đồng nhất ít nhất là 80% với và/hoặc đồng nhất ít nhất là 80% với trình tự axit amin của SEQ ID NO: 1, trong đó polypeptit,

tốt hơn là trehaloza phosphorylaza, có ít nhất là một trong số các đặc tính (A), (B), (C), (D) và (E), hoặc kết hợp chúng theo cách bất kỳ,

trong đó đặc tính (A) là tính ổn định nhiệt sau khi ủ ở nhiệt độ 52°C trong thời gian 15 phút được xác định theo hoạt tính còn lại nằm trong khoảng

i) từ 30% đến 90%, tốt hơn là từ 39% đến 90%, tốt hơn là từ 42% đến 90%, tốt hơn là từ 54% đến 90%, tốt hơn là từ 55% đến 90%, và còn tốt hơn nữa là từ 63% đến 90%, còn tốt hơn nữa là từ 64% đến 90%, còn tốt hơn nữa là từ 68% đến 90%, và tốt nhất là từ 64% đến 86%, và/hoặc

ii) từ 30% đến 90%, tốt hơn là từ 31% đến 90%, tốt hơn là từ 32% đến 90%, tốt hơn là từ 33% đến 90%, tốt hơn là từ 34% đến 90%, tốt hơn là từ 35% đến 90%, tốt hơn là từ 36% đến 90%, tốt hơn là từ 37% đến 90%, tốt hơn là từ 38% đến 90%, tốt hơn là từ 39% đến 90%, tốt hơn là từ 40% đến 90%, tốt hơn là từ 41% đến 90%, tốt hơn là từ 42% đến 90%, tốt hơn là từ 43% đến 90%, tốt hơn là từ 44% đến 90%, tốt hơn là từ 45% đến 90%, tốt hơn là từ 46% đến 90%, tốt hơn là từ 47% đến 90%, tốt hơn là từ 48% đến 90%, tốt hơn là từ 49% đến 90%, còn tốt hơn nữa là từ 50% đến 90%, còn tốt hơn nữa là từ 51% đến 90%, còn tốt hơn nữa là từ 52% đến 90%, còn tốt hơn nữa là từ 53% đến 90%, còn tốt hơn nữa là từ 54% đến 90%, còn tốt hơn nữa là từ 55% đến 90%, còn tốt hơn nữa là từ 60% đến 90%, còn tốt hơn nữa là từ 61% đến 90%, còn tốt hơn nữa là từ 65% đến 90%, còn tốt hơn nữa là từ 70% đến 90%, còn tốt hơn nữa là từ 75% đến 90%, và tốt nhất là từ 72% đến 81%, và/hoặc

iii) từ 55% đến 100%, tốt hơn là từ 60% đến 100%, tốt hơn là từ 70% đến 100%, tốt hơn là từ 75% đến 100%, tốt hơn là từ 76% đến 100%, tốt hơn là từ 77% đến 100%, tốt hơn là từ 78% đến 100%, tốt hơn là từ 79% đến 100%, tốt hơn là từ 80% đến 100%, tốt hơn là từ 81% đến 100%, tốt hơn là từ 82% đến 100%, tốt hơn là từ 83% đến 100%, tốt hơn là từ 84% đến 100%, tốt hơn là từ 85% đến 100%, tốt hơn là từ 86% đến 100%, tốt hơn là từ 87% đến 100%, tốt hơn là từ 88% đến 100%, tốt hơn là từ 89% đến 100%, còn tốt hơn nữa là từ 90% đến 100%, còn tốt hơn nữa là từ 91% đến 100%, còn tốt hơn nữa là từ 92% đến 100%, còn tốt hơn nữa là từ 93% đến

100%, còn tốt hơn nữa là từ 94% đến 100%, còn tốt hơn nữa là từ 95% đến 100%, còn tốt hơn nữa là từ 96% đến 100%, còn tốt hơn nữa là từ 97% đến 100%, còn tốt hơn nữa là từ 98% đến 100%, còn tốt hơn nữa là từ 99% đến 100%, và tốt nhất là 100%,

và

trong đó đặc tính (B) là tính ổn định nhiệt sau khi ủ ở nhiệt độ 52°C trong thời gian 15 phút mà khác biệt ở chỗ

i) trị số *Tm30* thấp nhất là 52°C, và/hoặc

ii) trị số *Tm50* thấp nhất là 52°C,

và

trong đó đặc tính (C) là tính ổn định nhiệt đặc trưng bởi

i) trị số *Tm30* nằm trong khoảng từ 52°C đến 90°C, tốt hơn là từ 52°C đến 80°C, tốt hơn là từ 52,5°C đến 80°C, tốt hơn là từ 53°C đến 80°C, tốt hơn là từ 53,5°C đến 80°C, tốt hơn nữa là từ 54°C đến 80°C, tốt hơn là từ 54,5°C đến 80°C, còn tốt hơn nữa là từ 55°C đến 80°C, tốt hơn là từ 55,5°C đến 80°C, tốt hơn là từ 56°C đến 80°C, tốt hơn là từ 56,5°C đến 80°C, tốt hơn là từ 57°C đến 80°C, tốt hơn là từ 57,5°C đến 80°C, tốt hơn là từ 58°C đến 80°C, tốt hơn là từ 58,5°C đến 80°C, còn tốt hơn nữa là từ 52°C đến 70°C, còn tốt hơn nữa là từ 52,5°C đến 70°C, còn tốt hơn nữa là từ 53°C đến 70°C, còn tốt hơn nữa là từ 53,5°C đến 70°C, còn tốt hơn nhiều nữa là từ 54°C đến 70°C, còn tốt hơn nữa là từ 54,5°C đến 70°C, còn tốt hơn nhiều nữa là từ 55°C đến 70°C, còn tốt hơn nữa là từ 55,5°C đến 70°C, còn tốt hơn nữa là từ 56°C đến 70°C, còn tốt hơn nữa là từ 56,5°C đến 70°C, còn tốt hơn nữa là từ 57°C đến 70°C, còn tốt hơn nữa là từ 57,5°C đến 70°C, còn tốt hơn nữa là từ 58°C đến 70°C, còn tốt hơn nữa là từ 58,5°C đến 70°C, còn tốt hơn nữa là từ 52°C đến 65°C, còn tốt hơn nữa là từ 52,5°C đến 65°C, còn tốt hơn nữa là từ 53°C đến 65°C, còn tốt hơn nữa là từ 53,5°C đến 65°C, còn tốt hơn nhiều nữa là từ 54°C đến 65°C, còn tốt hơn nữa là từ 54,5°C đến 65°C, còn tốt hơn nhiều nữa là từ 55°C đến 65°C, còn tốt hơn nữa là từ 55,5°C đến 65°C, còn tốt hơn nữa là từ 56°C đến 65°C, còn tốt hơn nữa là từ 56,5°C đến 65°C, còn tốt hơn nữa là từ 57°C đến 65°C, còn tốt hơn nữa là từ 57,5°C đến 65°C, còn tốt hơn nữa là từ 58°C đến 65°C, còn tốt hơn nữa là từ 58,5°C đến 65°C, còn tốt hơn nữa là từ 52°C đến

60°C, còn tốt hơn nữa là từ 52,5°C đến 60°C, còn tốt hơn nữa là từ 53°C đến 60°C, còn tốt hơn nữa là từ 53,5°C đến 60°C, còn tốt hơn nhiều nữa là từ 54°C đến 60°C, còn tốt hơn nữa là từ 54,5°C đến 60°C, còn tốt hơn nhiều nữa là từ 55°C đến 60°C, còn tốt hơn nữa là từ 55,5°C đến 60°C, còn tốt hơn nữa là từ 56°C đến 60°C, còn tốt hơn nữa là từ 56,5°C đến 60°C, còn tốt hơn nữa là từ 57°C đến 60°C, còn tốt hơn nữa là từ 57,5°C đến 60°C, còn tốt hơn nữa là từ 58°C đến 60°C, còn tốt hơn nữa là từ 58,5°C đến 60°C, và tốt nhất là từ 53,5°C đến 58,5°C và/hoặc

ii) trị số *Tm50* nằm trong khoảng từ 52°C đến 90°C, tốt hơn là từ 52°C đến 80°C, tốt hơn là từ 52,5°C đến 80°C, tốt hơn là từ 53°C đến 80°C, tốt hơn là từ 53,5°C đến 80°C, tốt hơn nữa là từ 54°C đến 80°C, tốt hơn là từ 54,5°C đến 80°C, còn tốt hơn nữa là từ 55°C đến 80°C, tốt hơn là từ 55,5°C đến 80°C, tốt hơn là từ 56°C đến 80°C, tốt hơn là từ 56,5°C đến 80°C, tốt hơn là từ 57°C đến 80°C, tốt hơn là từ 57,5°C đến 80°C, còn tốt hơn nữa là từ 52°C đến 70°C, còn tốt hơn nữa là từ 52,5°C đến 70°C, còn tốt hơn nữa là từ 53°C đến 70°C, còn tốt hơn nữa là từ 53,5°C đến 70°C, còn tốt hơn nhiều nữa là từ 54°C đến 70°C, còn tốt hơn nữa là từ 54,5°C đến 70°C, còn tốt hơn nhiều nữa là từ 55°C đến 70°C, còn tốt hơn nữa là từ 55,5°C đến 70°C, còn tốt hơn nữa là từ 56°C đến 70°C, còn tốt hơn nữa là từ 56,5°C đến 70°C, còn tốt hơn nữa là từ 57°C đến 70°C, còn tốt hơn nữa là từ 57,5°C đến 70°C, còn tốt hơn nữa là từ 52°C đến 65°C, còn tốt hơn nữa là từ 52,5°C đến 65°C, còn tốt hơn nữa là từ 53°C đến 65°C, còn tốt hơn nữa là từ 53,5°C đến 65°C, còn tốt hơn nhiều nữa là từ 54°C đến 65°C, còn tốt hơn nữa là từ 54,5°C đến 65°C, còn tốt hơn nhiều nữa là từ 55°C đến 65°C, còn tốt hơn nữa là từ 55,5°C đến 65°C, còn tốt hơn nữa là từ 56°C đến 65°C, còn tốt hơn nữa là từ 56,5°C đến 65°C, còn tốt hơn nữa là từ 57°C đến 65°C, còn tốt hơn nữa là từ 57,5°C đến 65°C, còn tốt hơn nữa là từ 52°C đến 60°C, còn tốt hơn nữa là từ 52,5°C đến 60°C, còn tốt hơn nữa là từ 53°C đến 60°C, còn tốt hơn nữa là từ 53,5°C đến 60°C, còn tốt hơn nhiều nữa là từ 54°C đến 60°C, còn tốt hơn nữa là từ 54,5°C đến 60°C, còn tốt hơn nhiều nữa là từ 55°C đến 60°C, còn tốt hơn nữa là từ 55,5°C đến 60°C, còn tốt hơn nữa là từ 56°C đến 60°C, còn tốt hơn nữa là từ 56,5°C đến 60°C, còn tốt hơn nữa là từ 57°C đến 60°C, còn tốt hơn nữa là từ 57,5°C đến 60°C, và tốt nhất là từ 52°C đến 57,5°C;

và

trong đó đặc tính (D) là tính ổn định nhiệt đặc trưng bởi

i) tính ổn định trong quá trình xử lý, đặc trưng bởi thời gian bán tồn ở nhiệt độ 45°C nằm trong khoảng từ 3 giờ đến 9 ngày hoặc lâu hơn, tốt hơn là nằm trong khoảng từ 24 giờ đến 9 ngày hoặc lâu hơn, tốt hơn là nằm trong khoảng từ 39 giờ đến 9 ngày hoặc lâu hơn, tốt hơn là nằm trong khoảng từ 2 ngày đến 9 ngày hoặc lâu hơn, tốt hơn nữa nằm trong khoảng từ 4 ngày đến 9 ngày hoặc lâu hơn, tốt hơn nữa nằm trong khoảng từ 5,5 ngày đến 9 ngày hoặc lâu hơn, tốt hơn nữa nằm trong khoảng từ ít nhất 7 ngày đến 9 ngày hoặc lâu hơn, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 9 ngày hoặc lâu hơn, và tốt nhất là 9 ngày;

ii) tính ổn định trong quá trình xử lý, đặc trưng bởi thời gian bán tồn ở nhiệt độ 45°C nằm trong khoảng từ 24 giờ đến 9 ngày hoặc lâu hơn, tốt hơn nữa nằm trong khoảng từ 39 giờ đến 9 ngày hoặc lâu hơn, tốt hơn nữa nằm trong khoảng từ 2 ngày đến 9 ngày hoặc lâu hơn, tốt hơn nữa nằm trong khoảng từ 4 ngày đến 9 ngày hoặc lâu hơn, tốt hơn nữa nằm trong khoảng từ 5,5 ngày đến 9 ngày hoặc lâu hơn, tốt hơn nữa nằm trong khoảng từ 7 ngày đến 9 ngày hoặc lâu hơn, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 9 ngày hoặc lâu hơn, và tốt nhất là 9 ngày;

iii) tính ổn định trong quá trình xử lý, đặc trưng bởi thời gian bán tồn ở nhiệt độ 45°C nằm trong khoảng từ 4 ngày đến 9 ngày hoặc lâu hơn, tốt hơn là nằm trong khoảng từ 5,5 ngày đến 9 ngày hoặc lâu hơn, tốt hơn nữa nằm trong khoảng từ 7 ngày đến 9 ngày hoặc lâu hơn, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 9 ngày hoặc lâu hơn, và tốt nhất là 9 ngày;

và

trong đó đặc tính (E) là hoạt tính tương đối được thể hiện ở dạng tỷ lệ 100/500 nằm trong khoảng

(i) từ 0,65 đến 1,0, tốt hơn là nằm trong khoảng từ 0,7 đến 1,0, tốt hơn là nằm trong khoảng từ 0,75 đến 1,0, tốt hơn là nằm trong khoảng từ 0,8 đến 1,0, tốt hơn là nằm trong khoảng từ 0,85 đến 1,0, tốt hơn là nằm trong khoảng từ 0,9 đến 1,0, tốt hơn

là nằm trong khoảng từ 0,95 đến 1,0, và tốt hơn nữa nằm trong khoảng từ ít nhất 0,7 đến 1,0;

(ii) từ 0,65 đến 1,0, tốt hơn là nằm trong khoảng từ 0,7 đến 1,0, tốt hơn là nằm trong khoảng từ 0,75 đến 1,0, tốt hơn là nằm trong khoảng từ 0,8 đến 1,0, tốt hơn là nằm trong khoảng từ 0,85 đến 1,0, tốt hơn là nằm trong khoảng từ 0,9 đến 1,0, tốt hơn là nằm trong khoảng từ 0,95 đến 1,0, và tốt hơn nữa nằm trong khoảng từ 0,8 đến 1,0;

trong đó tỷ lệ 100/500 được xác định là tỷ lệ giữa
[hoạt tính trehaloza ở 100mM glucoza và 100mM alpha-glucoza-1 phosphat]/
[hoạt tính trehaloza ở 500mM glucoza và 100mM alpha-glucoza-1 phosphat].

Theo phương án thứ hai của khía cạnh thứ hai mà cũng là một phương án trong số các phương án thứ nhất theo khía cạnh thứ hai, polypeptit, tốt hơn là trehaloza phosphorylaza có tính ổn định nhiệt sau khi ủ ở nhiệt độ 52°C trong thời gian 15 phút được xác định theo hoạt tính còn lại nằm trong khoảng

từ 30% đến 90%, tốt hơn là từ 39% đến 90%, tốt hơn là từ 42% đến 90%, tốt hơn là từ 54% đến 90%, tốt hơn là từ 55% đến 90%, và còn tốt hơn nữa là từ 63% đến 90%, còn tốt hơn nữa là từ 64% đến 90%, còn tốt hơn nữa là từ 68% đến 90%, và tốt nhất là từ 64% đến 86%; và/hoặc

từ 30% đến 90%, tốt hơn là từ 31% đến 90%, tốt hơn là từ 32% đến 90%, tốt hơn là từ 33% đến 90%, tốt hơn là từ 34% đến 90%, tốt hơn là từ 35% đến 90%, tốt hơn là từ 36% đến 90%, tốt hơn là từ 37% đến 90%, tốt hơn là từ 38% đến 90%, tốt hơn là từ 39% đến 90%, tốt hơn là từ 40% đến 90%, tốt hơn là từ 41% đến 90%, tốt hơn là từ 42% đến 90%, tốt hơn là từ 43% đến 90%, tốt hơn là từ 44% đến 90%, tốt hơn là từ 45% đến 90%, tốt hơn là từ 46% đến 90%, tốt hơn là từ 47% đến 90%, tốt hơn là từ 48% đến 90%, tốt hơn là từ 49% đến 90%, còn tốt hơn nữa là từ 50% đến 90%, còn tốt hơn nữa là từ 51% đến 90%, còn tốt hơn nữa là từ 52% đến 90%, còn tốt hơn nữa là từ 53% đến 90%, còn tốt hơn nữa là từ 54% đến 90%, còn tốt hơn nữa là từ 55% đến 90%, còn tốt hơn nữa là từ 60% đến 90%, còn tốt hơn nữa là từ 61% đến 90%,

còn tốt hơn nữa là từ 65% đến 90%, còn tốt hơn nữa là từ 70% đến 90%, còn tốt hơn nữa là từ 75% đến 90%, và tốt nhất là từ 72% đến 81%, và/hoặc

từ 55% đến 100%, tốt hơn là từ 60% đến 100%, tốt hơn là từ 70% đến 100%, tốt hơn là từ 75% đến 100%, tốt hơn là từ 76% đến 100%, tốt hơn là từ 77% đến 100%, tốt hơn là từ 78% đến 100%, tốt hơn là từ 79% đến 100%, tốt hơn là từ 80% đến 100%, tốt hơn là từ 81% đến 100%, tốt hơn là từ 82% đến 100%, tốt hơn là từ 83% đến 100%, tốt hơn là từ 84% đến 100%, tốt hơn là từ 85% đến 100%, tốt hơn là từ 86% đến 100%, tốt hơn là từ 87% đến 100%, tốt hơn là từ 88% đến 100%, tốt hơn là từ 89% đến 100%, còn tốt hơn nữa là từ 90% đến 100%, còn tốt hơn nữa là từ 91% đến 100%, còn tốt hơn nữa là từ 92% đến 100%, còn tốt hơn nữa là từ 93% đến 100%, còn tốt hơn nữa là từ 94% đến 100%, còn tốt hơn nữa là từ 95% đến 100%, còn tốt hơn nữa là từ 96% đến 100%, còn tốt hơn nữa là từ 97% đến 100%, còn tốt hơn nữa là từ 98% đến 100%, còn tốt hơn nữa là từ 99% đến 100%, và tốt nhất là 100%.

Theo phương án thứ ba của khía cạnh thứ hai mà cũng là một phương án trong số các phương án thứ nhất và thứ hai theo khía cạnh thứ hai, trong đó polypeptit, tốt hơn là trehaloza phosphorylaza, có tính ổn định nhiệt đặc trưng bởi trị số *Tm30* thấp nhất là 52°C.

Theo phương án thứ tư của khía cạnh thứ hai mà cũng là một phương án trong số các phương án thứ nhất, thứ hai và thứ ba theo khía cạnh thứ hai, polypeptit, tốt hơn là trehaloza phosphorylaza có thời gian bán tồn ở nhiệt độ 45°C nằm trong khoảng từ 3 giờ đến 9 ngày hoặc lâu hơn, tốt hơn là nằm trong khoảng từ 24 giờ đến 9 ngày hoặc lâu hơn, tốt hơn là nằm trong khoảng từ 39 giờ đến 9 ngày hoặc lâu hơn, tốt hơn là nằm trong khoảng từ 2 ngày đến 9 ngày hoặc lâu hơn, tốt hơn nữa nằm trong khoảng từ 4 ngày đến 9 ngày hoặc lâu hơn, tốt hơn nữa nằm trong khoảng từ 5,5 ngày đến 9 ngày hoặc lâu hơn, tốt hơn nữa nằm trong khoảng từ 7 ngày đến 9 ngày hoặc lâu hơn, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 9 ngày hoặc lâu hơn, và tốt nhất là 9 ngày.

Theo phương án thứ năm của khía cạnh thứ hai mà cũng là một phương án trong số các phương án thứ nhất, thứ hai, thứ ba và thứ tư theo khía cạnh thứ hai, polypeptit, tốt hơn là trehaloza phosphorylaza có hoạt tính tương đối được thể hiện ở dạng tỷ lệ 100/500 nằm trong khoảng từ 0,65 đến 1,0, tốt hơn là nằm trong khoảng từ 0,7 đến 1,0, tốt hơn là

nằm trong khoảng từ 0,75 đến 1,0, tốt hơn là nằm trong khoảng từ 0,8 đến 1,0, tốt hơn là nằm trong khoảng từ 0,85 đến 1,0, tốt hơn là nằm trong khoảng từ 0,9 đến 1,0, tốt hơn là nằm trong khoảng từ 0,95 đến 1,0, và tốt hơn nữa nằm trong khoảng từ 0,7 đến 1,0.

Theo phương án thứ sáu của khía cạnh thứ hai mà cũng là một phương án trong số các phương án thứ nhất, thứ hai, thứ ba, thứ tư và thứ năm theo khía cạnh thứ hai, polypeptit, tốt hơn là trehaloza phosphorylaza được xác định theo phương án bất kỳ trong số các phương án 1 đến 120 hoặc trong số phương án bất kỳ khác của khía cạnh thứ nhất, tốt hơn là như được xác định theo phương án bất kỳ trong số các phương án 26, 27, 28, 29, 30, 33, 34, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 55, 67, 68, 75, 76, 77, 78, 79, 80, 81, 84, 88, 89, 92, 99, 100 và 102 của khía cạnh thứ nhất, tốt hơn là như được xác định theo phương án bất kỳ trong số các phương án 26, 27, 28, 29, 30, 33, 34, 55, 67, 68, 75, 76, 77, 78, 79, 80, 81, 84, 88, 89, 92, 99, 100 và 102 của khía cạnh thứ nhất.

Theo phương án thứ bảy của khía cạnh thứ hai mà cũng là một phương án trong số các phương án thứ nhất, thứ hai, thứ ba, thứ tư và thứ năm theo khía cạnh thứ hai, polypeptit, tốt hơn là trehaloza phosphorylaza, có tính ổn định nhiệt sau khi ủ ở nhiệt độ 52°C trong thời gian 15 phút được xác định theo hoạt tính còn lại nằm trong khoảng

từ 30% đến 90%, tốt hơn là từ 31% đến 90%, tốt hơn là từ 32% đến 90%, tốt hơn là từ 33% đến 90%, tốt hơn là từ 34% đến 90%, tốt hơn là từ 35% đến 90%, tốt hơn là từ 36% đến 90%, tốt hơn là từ 37% đến 90%, tốt hơn là từ 38% đến 90%, tốt hơn là từ 39% đến 90%, tốt hơn là từ 40% đến 90%, tốt hơn là từ 41% đến 90%, tốt hơn là từ 42% đến 90%, tốt hơn là từ 43% đến 90%, tốt hơn là từ 44% đến 90%, tốt hơn là từ 45% đến 90%, tốt hơn là từ 46% đến 90%, tốt hơn là từ 47% đến 90%, tốt hơn là từ 48% đến 90%, tốt hơn là từ 49% đến 90%, còn tốt hơn nữa là từ 50% đến 90%, còn tốt hơn nữa là từ 51% đến 90%, còn tốt hơn nữa là từ 52% đến 90%, còn tốt hơn nữa là từ 53% đến 90%, còn tốt hơn nữa là từ 54% đến 90%, còn tốt hơn nữa là từ 55% đến 90%, còn tốt hơn nữa là từ 60% đến 90%, còn tốt hơn nữa là từ 61% đến 90%, còn tốt hơn nữa là từ 65% đến 90%, còn tốt hơn nữa là từ 70% đến 90%, còn tốt hơn nữa là từ 75% đến 90%, và tốt nhất là từ 72% đến 81%; và hoặc

từ 55% đến 100%, tốt hơn là từ 60% đến 100%, tốt hơn là từ 70% đến 100%, tốt hơn là từ 75% đến 100%, tốt hơn là từ 76% đến 100%, tốt hơn là từ 77% đến 100%, tốt

hơn là từ 78% đến 100%, tốt hơn là từ 79% đến 100%, tốt hơn là từ 80% đến 100%, tốt hơn là từ 81% đến 100%, tốt hơn là từ 82% đến 100%, tốt hơn là từ 83% đến 100%, tốt hơn là từ 84% đến 100%, tốt hơn là từ 85% đến 100%, tốt hơn là từ 86% đến 100%, tốt hơn là từ 87% đến 100%, tốt hơn là từ 88% đến 100%, tốt hơn là từ 89% đến 100%, còn tốt hơn nữa là từ 90% đến 100%, còn tốt hơn nữa là từ 91% đến 100%, còn tốt hơn nữa là từ 92% đến 100%, còn tốt hơn nữa là từ 93% đến 100%, còn tốt hơn nữa là từ 94% đến 100%, còn tốt hơn nữa là từ 95% đến 100%, còn tốt hơn nữa là từ 96% đến 100%, còn tốt hơn nữa là từ 97% đến 100%, còn tốt hơn nữa là từ 98% đến 100%, còn tốt hơn nữa là từ 99% đến 100%, và tốt nhất là 100%;

và trong đó trehaloza phosphorylaza được xác định theo phương án bất kỳ trong số các phương án 1 đến 120 hoặc trong số các phương án bất kỳ khác của khía cạnh thứ nhất, tốt hơn là theo phương án bất kỳ trong số các phương án 27, 28, 29, 31, 35, 36, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 57, 69, 70, 75, 76, 77, 78, 79, 80, 82, 84, 88, 90, 93, 99, 100 và 102 của khía cạnh thứ nhất, tốt hơn nữa là theo phương án bất kỳ trong số các phương án 27, 28, 29, 31, 35, 36, 57, 69, 70, 75, 76, 77, 78, 79, 80, 82, 84, 88, 90, 93, 99, 100 và 102 của khía cạnh thứ nhất.

Theo phương án thứ tám của khía cạnh thứ hai mà cũng là một phương án của thứ nhất, thứ hai, thứ ba, thứ tư, thứ năm và phương án thứ bảy của khía cạnh thứ hai, polypeptit, tốt hơn là trehaloza phosphorylaza, có tính ổn định nhiệt đặc trưng bởi trị số *Tm30* thấp nhất là 52°C và/hoặc trị số *Tm50* thấp nhất là 52°C; và trong đó trehaloza phosphorylaza được xác định theo phương án bất kỳ trong số các phương án 1 đến 120 hoặc trong số các phương án bất kỳ khác của khía cạnh thứ nhất, tốt hơn là theo phương án bất kỳ trong số các phương án 27, 28, 29, 31, 35, 36, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 57, 69, 70, 75, 76, 77, 78, 79, 80, 82, 84, 88, 90, 93, 99, 100 và 102 của khía cạnh thứ nhất, tốt hơn nữa là theo phương án bất kỳ trong số các phương án 27, 28, 29, 31, 35, 36, 57, 69, 70, 75, 76, 77, 78, 79, 80, 82, 84, 88, 90, 93, 99, 100 và 102 của khía cạnh thứ nhất.

Theo phương án thứ chín của khía cạnh thứ hai mà cũng là một phương án trong số các phương án thứ nhất, thứ hai, thứ ba, thứ tư, thứ năm, thứ bảy và thứ tám của khía cạnh thứ hai, polypeptit, tốt hơn là trehaloza phosphorylaza, có thời gian bán tồn ở nhiệt

độ 45°C nằm trong khoảng từ 1 ngày đến 9 ngày hoặc lâu hơn, tốt hơn nữa nằm trong khoảng từ 2 ngày đến 9 ngày hoặc lâu hơn, tốt hơn nữa nằm trong khoảng từ 4 ngày đến 9 ngày hoặc lâu hơn, tốt hơn nữa nằm trong khoảng từ 5,5 ngày đến 9 ngày hoặc lâu hơn, tốt hơn nữa nằm trong khoảng từ 7 ngày đến 9 ngày hoặc lâu hơn, còn tốt hơn nữa của 9 ngày hoặc lâu hơn, và tốt nhất là 9 ngày; và trong đó polypeptit, tốt hơn là trehaloza phosphorylaza, được xác định theo phương án bất kỳ trong số các phương án 1 đến 120 hoặc trong số các phương án bất kỳ khác của khía cạnh thứ nhất, tốt hơn là theo phương án bất kỳ trong số các phương án 27, 28, 29, 31, 35, 36, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 57, 69, 70, 75, 76, 77, 78, 79, 80, 82, 84, 88, 90, 93, 99, 100 và 102 của khía cạnh thứ nhất, tốt hơn nữa là theo phương án bất kỳ trong số các phương án 27, 28, 29, 31, 35, 36, 57, 69, 70, 75, 76, 77, 78, 79, 80, 82, 84, 88, 90, 93, 99, 100 và 102 của khía cạnh thứ nhất.

Theo phương án thứ mười của khía cạnh thứ hai mà cũng là một phương án trong số các phương án thứ nhất, thứ hai, thứ ba, thứ tư, thứ năm, thứ bảy, thứ tám và thứ chín của khía cạnh thứ hai, polypeptit, tốt hơn là trehaloza phosphorylaza có hoạt tính tương đối được thể hiện ở dạng tỷ lệ 100/500 nằm trong khoảng từ 0,65 đến 1,0, tốt hơn là nằm trong khoảng từ 0,7 đến 1,0, tốt hơn là nằm trong khoảng từ 0,75 đến 1,0, tốt hơn là nằm trong khoảng từ 0,8 đến 1,0, tốt hơn là nằm trong khoảng từ 0,85 đến 1,0, tốt hơn là nằm trong khoảng từ 0,9 đến 1,0, tốt hơn là nằm trong khoảng từ 0,95 đến 1,0, và tốt hơn nữa nằm trong khoảng từ 0,7 đến 1,0; và trong đó trehaloza phosphorylaza được xác định theo phương án bất kỳ trong số các phương án 1 đến 120 hoặc trong số các phương án bất kỳ khác của khía cạnh thứ nhất, tốt hơn là theo phương án bất kỳ trong số các phương án 27, 28, 29, 31, 35, 36, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 57, 69, 70, 75, 76, 77, 78, 79, 80, 82, 84, 88, 90, 93, 99, 100 và 102 của khía cạnh thứ nhất, tốt hơn nữa là theo phương án bất kỳ trong số các phương án 27, 28, 29, 31, 35, 36, 57, 69, 70, 75, 76, 77, 78, 79, 80, 82, 84, 88, 90, 93, 99, 100 và 102 của khía cạnh thứ nhất.

Theo phương án thứ mười một của khía cạnh thứ hai mà cũng là một phương án trong số các phương án thứ nhất, thứ hai, thứ ba, thứ tư và thứ năm của khía cạnh thứ hai, polypeptit, tốt hơn là trehaloza phosphorylaza, có tính ổn định nhiệt sau khi ủ ở nhiệt độ 52°C trong thời gian 15 phút được xác định theo hoạt tính còn lại trong khoảng từ 55% đến 100%, tốt hơn là từ 60% đến 100%, tốt hơn là từ 70% đến 100%, tốt hơn là từ 75% đến 100%, tốt hơn là từ 76% đến 100%, tốt hơn là từ 77% đến 100%, tốt hơn là từ 78%

đến 100%, tốt hơn là từ 79% đến 100%, tốt hơn là từ 80% đến 100%, tốt hơn là từ 81% đến 100%, tốt hơn là từ 82% đến 100%, tốt hơn là từ 83% đến 100%, tốt hơn là từ 84% đến 100%, tốt hơn là từ 85% đến 100%, tốt hơn là từ 86% đến 100%, tốt hơn là từ 87% đến 100%, tốt hơn là từ 88% đến 100%, tốt hơn là từ 89% đến 100%, còn tốt hơn nữa là từ 90% đến 100%, còn tốt hơn nữa là từ 91% đến 100%, còn tốt hơn nữa là từ 92% đến 100%, còn tốt hơn nữa là từ 93% đến 100%, còn tốt hơn nữa là từ 94% đến 100%, còn tốt hơn nữa là từ 95% đến 100%, còn tốt hơn nữa là từ 96% đến 100%, còn tốt hơn nữa là từ 97% đến 100%, còn tốt hơn nữa là từ 98% đến 100%, còn tốt hơn nữa là từ 99% đến 100%, và tốt nhất là 100%; và trong đó trehaloza phosphorylaza được xác định theo phương án bất kỳ trong số các phương án 1 đến 120 hoặc trong số các phương án bất kỳ khác của khía cạnh thứ nhất, tốt hơn là theo phương án bất kỳ trong số các phương án 28, 29, 32, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 59, 60, 61, 62, 71, 72, 73, 74, 75, 76, 77, 78, 79, 80, 82, 84, 88, 91, 94, 99, 100 và 102 của khía cạnh thứ nhất, tốt hơn nữa là theo phương án bất kỳ trong số các phương án 28, 29, 32, 37, 38, 39, 40, 59, 60, 61, 62, 71, 72, 73, 74, 75, 76, 77, 78, 79, 80, 82, 84, 88, 91, 94, 99, 100 và 102 của khía cạnh thứ nhất.

Theo phương án thứ mười hai của khía cạnh thứ hai mà cũng là một phương án trong số các phương án thứ nhất, thứ hai, thứ ba, thứ tư, thứ năm và thứ mười một của khía cạnh thứ hai, polypeptit, tốt hơn là trehaloza phosphorylaza có tính ổn định nhiệt đặc trưng bởi trị số *Tm30* thấp nhất là 52°C và/hoặc trị số *Tm50* thấp nhất là 52°C, và tốt hơn nếu được đặc trưng bởi trị số *Tm30* thấp nhất là 52°C và trị số *Tm50* thấp nhất là 52°C; và trong đó trehaloza phosphorylaza được xác định theo phương án bất kỳ trong số các phương án 1 đến 120 hoặc trong số các phương án bất kỳ khác của khía cạnh thứ nhất, tốt hơn là theo phương án bất kỳ trong số các phương án 28, 29, 32, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 59, 60, 61, 62, 71, 72, 73, 74, 75, 76, 77, 78, 79, 80, 82, 84, 88, 91, 94, 99, 100 và 102 của khía cạnh thứ nhất, tốt hơn nữa là theo phương án bất kỳ trong số các phương án 28, 29, 32, 37, 38, 39, 40, 59, 60, 61, 62, 71, 72, 73, 74, 75, 76, 77, 78, 79, 80, 82, 84, 88, 91, 94, 99, 100 và 102 của khía cạnh thứ nhất.

Theo phương án thứ 13 của khía cạnh thứ hai mà cũng là một phương án trong số các phương án thứ nhất, thứ hai, thứ ba, thứ tư, thứ năm, thứ mười một và thứ mười hai

của khía cạnh thứ hai, polypeptit, tốt hơn là trehaloza phosphorylaza có tính ổn định nhiệt đặc trưng bởi

i) *Tm30* nằm trong khoảng từ 52°C đến 90°C, tốt hơn là từ 52°C đến 80°C, tốt hơn là từ 52,5°C đến 80°C, tốt hơn là từ 53°C đến 80°C, tốt hơn là từ 53,5°C đến 80°C, tốt hơn nữa là từ 54°C đến 80°C, tốt hơn là từ 54,5°C đến 80°C, còn tốt hơn nữa là từ 55°C đến 80°C, tốt hơn là từ 55,5°C đến 80°C, tốt hơn là từ 56°C đến 80°C, tốt hơn là từ 56,5°C đến 80°C, tốt hơn là từ 57°C đến 80°C, tốt hơn là từ 57,5°C đến 80°C, tốt hơn là từ 58°C đến 80°C, tốt hơn là từ 58,5°C đến 80°C, còn tốt hơn nữa là từ 52°C đến 70°C, còn tốt hơn nữa là từ 52,5°C đến 70°C, còn tốt hơn nữa là từ 53°C đến 70°C, còn tốt hơn nữa là từ 53,5°C đến 70°C, còn tốt hơn nhiều nữa là từ 54°C đến 70°C, còn tốt hơn nữa là từ 54,5°C đến 70°C, còn tốt hơn nhiều nữa là từ 55°C đến 70°C, còn tốt hơn nữa là từ 55,5°C đến 70°C, còn tốt hơn nữa là từ 56°C đến 70°C, còn tốt hơn nữa là từ 56,5°C đến 70°C, còn tốt hơn nữa là từ 57°C đến 70°C, còn tốt hơn nữa là từ 57,5°C đến 70°C, còn tốt hơn nữa là từ 58°C đến 70°C, còn tốt hơn nữa là từ 58,5°C đến 70°C, còn tốt hơn nữa là từ 52°C đến 65°C, còn tốt hơn nữa là từ 52,5°C đến 65°C, còn tốt hơn nữa là từ 53°C đến 65°C, còn tốt hơn nữa là từ 53,5°C đến 65°C, còn tốt hơn nhiều nữa là từ 54°C đến 65°C, còn tốt hơn nữa là từ 54,5°C đến 65°C, còn tốt hơn nhiều nữa là từ 55°C đến 65°C, còn tốt hơn nữa là từ 55,5°C đến 65°C, còn tốt hơn nữa là từ 56°C đến 65°C, còn tốt hơn nữa là từ 56,5°C đến 65°C, còn tốt hơn nữa là từ 57°C đến 65°C, còn tốt hơn nữa là từ 57,5°C đến 65°C, còn tốt hơn nữa là từ 58°C đến 65°C, còn tốt hơn nữa là từ 58,5°C đến 65°C, còn tốt hơn nữa là từ 52°C đến 60°C, còn tốt hơn nữa là từ 52,5°C đến 60°C, còn tốt hơn nữa là từ 53°C đến 60°C, còn tốt hơn nữa là từ 53,5°C đến 60°C, còn tốt hơn nhiều nữa nằm trong khoảng từ 54°C đến 60°C, còn tốt hơn nữa nằm trong khoảng từ 54,5°C đến 60°C, còn tốt hơn nhiều nữa là từ 55°C đến 60°C, còn tốt hơn nữa là từ 55,5°C đến 60°C, còn tốt hơn nữa là từ 56°C đến 60°C, còn tốt hơn nữa là từ 56,5°C đến 60°C, còn tốt hơn nữa là từ 57°C đến 60°C, còn tốt hơn nữa là từ 57,5°C đến 60°C, còn tốt hơn nữa là từ 58°C đến 60°C, còn tốt hơn nữa là từ 58,5°C đến 60°C, và tốt nhất là từ 53,5°C đến 58,5°C và/hoặc

ii) trị số *Tm50* nằm trong khoảng từ 52°C đến 90°C, tốt hơn là từ 52°C đến 80°C, tốt hơn là từ 52,5°C đến 80°C, tốt hơn là từ 53°C đến 80°C, tốt hơn là từ 53,5°C đến 80°C, tốt hơn nữa là từ 54°C đến 80°C, tốt hơn là từ 54,5°C đến 80°C, còn tốt hơn nữa là từ

55°C đến 80°C, tốt hơn là từ 55,5°C đến 80°C, tốt hơn là từ 56°C đến 80°C, tốt hơn là từ 56,5°C đến 80°C, tốt hơn là từ 57°C đến 80°C, tốt hơn là từ 57,5°C đến 80°C, còn tốt hơn nữa là từ 52°C đến 70°C, còn tốt hơn nữa là từ 52,5°C đến 70°C, còn tốt hơn nữa là từ 53°C đến 70°C, còn tốt hơn nữa là từ 53,5°C đến 70°C, còn tốt hơn nhiều nữa là từ 54°C đến 70°C, còn tốt hơn nữa là từ 54,5°C đến 70°C, còn tốt hơn nhiều nữa là từ 55°C đến 70°C, còn tốt hơn nữa là từ 55,5°C đến 70°C, còn tốt hơn nữa là từ 56°C đến 70°C, còn tốt hơn nữa là từ 56,5°C đến 70°C, còn tốt hơn nữa là từ 57°C đến 70°C, còn tốt hơn nữa là từ 57,5°C đến 70°C, còn tốt hơn nữa là từ 52°C đến 65°C, còn tốt hơn nữa là từ 52,5°C đến 65°C, còn tốt hơn nữa là từ 53°C đến 65°C, còn tốt hơn nữa là từ 53,5°C đến 65°C, còn tốt hơn nhiều nữa là từ 54°C đến 65°C, còn tốt hơn nữa là từ 54,5°C đến 65°C, còn tốt hơn nhiều nữa là từ 55°C đến 65°C, còn tốt hơn nữa là từ 55,5°C đến 65°C, còn tốt hơn nữa là từ 56°C đến 65°C, còn tốt hơn nữa là từ 56,5°C đến 65°C, còn tốt hơn nữa là từ 57°C đến 65°C, còn tốt hơn nữa là từ 57,5°C đến 65°C, còn tốt hơn nữa là từ 52°C đến 60°C, còn tốt hơn nữa là từ 52,5°C đến 60°C, còn tốt hơn nữa là từ 53°C đến 60°C, còn tốt hơn nữa là từ 53,5°C đến 60°C, còn tốt hơn nhiều nữa là từ 54°C đến 60°C, còn tốt hơn nữa là từ 54,5°C đến 60°C, còn tốt hơn nhiều nữa là từ 55°C đến 60°C, còn tốt hơn nữa là từ 55,5°C đến 60°C, còn tốt hơn nữa là từ 56°C đến 60°C, còn tốt hơn nữa là từ 56,5°C đến 60°C, còn tốt hơn nữa là từ 57°C đến 60°C, còn tốt hơn nữa là từ 57,5°C đến 60°C, và tốt nhất là từ 52°C đến 57,5°C; và trong đó trehaloza phosphorylaza được xác định theo phương án bất kỳ trong số các phương án 1 đến 120 hoặc trong số các phương án bất kỳ khác của khía cạnh thứ nhất, tốt hơn là theo phương án bất kỳ trong số các phương án 28, 29, 32, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 59, 60, 61, 62, 71, 72, 73, 74, 75, 76, 77, 78, 79, 80, 82, 84, 88, 91, 94, 99, 100 và 102 của khía cạnh thứ nhất, tốt hơn nữa theo phương án bất kỳ trong số các phương án thứ 28, 29, 32, 37, 38, 39, 40, 59, 60, 61, 62, 71, 72, 73, 74, 75, 76, 77, 78, 79, 80, 82, 84, 88, 91, 94, 99, 100 và 102 của khía cạnh thứ nhất.

Theo phương án thứ 14 của khía cạnh thứ hai mà cũng là một phương án trong số các phương án thứ nhất, thứ hai, thứ ba, thứ tư, thứ năm, thứ mười một, thứ mười hai và thứ mười ba của khía cạnh thứ hai, polypeptit, tốt hơn là trehaloza phosphorylaza, có thời gian bán tồn ở nhiệt độ 45°C nằm trong khoảng từ 4 ngày đến 9 ngày hoặc lâu hơn, tốt hơn là nằm trong khoảng từ 5,5 ngày đến 9 ngày hoặc lâu hơn, tốt hơn nữa nằm trong khoảng từ 7 ngày đến 9 ngày hoặc lâu hơn, còn tốt hơn nữa của 9 ngày hoặc lâu hơn, tốt

nhất là 9 ngày; và trong đó polypeptit, tốt hơn là trehaloza phosphorylaza được xác định theo phương án bất kỳ trong số các phương án 1 đến 120 hoặc trong số các phương án bất kỳ khác của khía cạnh thứ nhất, tốt hơn là theo phương án bất kỳ trong số các phương án 28, 29, 32, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 59, 60, 61, 62, 71, 72, 73, 74, 75, 76, 77, 78, 79, 80, 82, 84, 88, 91, 94, 99, 100 và 102 của khía cạnh thứ nhất, tốt hơn nữa là theo phương án bất kỳ trong số các phương án 28, 29, 32, 37, 38, 39, 40, 59, 60, 61, 62, 71, 72, 73, 74, 75, 76, 77, 78, 79, 80, 82, 84, 88, 91, 94, 99, 100 và 102 của khía cạnh thứ nhất.

Theo phương án thứ 15 của khía cạnh thứ hai mà cũng là một phương án trong số các phương án thứ nhất, thứ hai, thứ ba, thứ tư, thứ năm, thứ mười một, thứ mười hai, thứ mười ba và thứ 14 của khía cạnh thứ hai, polypeptit, tốt hơn là trehaloza phosphorylaza, có hoạt tính tương đối được thể hiện ở dạng tỷ lệ 100/500 nằm trong khoảng từ 0,65 đến 1,0, tốt hơn là nằm trong khoảng từ 0,7 đến 1,0, tốt hơn là nằm trong khoảng từ 0,75 đến 1,0, tốt hơn là nằm trong khoảng từ 0,8 đến 1,0, tốt hơn là nằm trong khoảng từ 0,85 đến 1,0, tốt hơn là nằm trong khoảng từ 0,9 đến 1,0, tốt hơn là nằm trong khoảng từ 0,95 đến 1,0, và tốt hơn nữa nằm trong khoảng từ 0,8 đến 1,0; và trong đó trehaloza phosphorylaza được xác định theo phương án bất kỳ trong số các phương án 1 đến 120 hoặc trong số các phương án bất kỳ khác của khía cạnh thứ nhất, tốt hơn là theo phương án bất kỳ trong số các phương án 28, 29, 32, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 59, 60, 61, 62, 71, 72, 73, 74, 75, 76, 77, 78, 79, 80, 82, 84, 88, 91, 94, 99, 100 và 102 của khía cạnh thứ nhất, tốt hơn nữa theo phương án bất kỳ trong số các phương án thứ 28, 29, 32, 37, 38, 39, 40, 59, 60, 61, 62, 71, 72, 73, 74, 75, 76, 77, 78, 79, 80, 82, 84, 88, 91, 94, 99, 100 và 102 của khía cạnh thứ nhất.

Theo phương án thứ 16 của khía cạnh thứ hai mà cũng là một phương án trong số các phương án thứ nhất, thứ hai, thứ ba, thứ tư, thứ năm và thứ sáu theo khía cạnh thứ hai, polypeptit, tốt hơn là trehaloza phosphorylaza có, so với trehaloza phosphorylaza có trình tự SEQ ID NO:1, hiện tượng tăng mức độ ổn định nhiệt, theo đó mức gia tăng về mức độ ổn định nhiệt là

i) mức tăng trị số *Tm30* ít nhất là 2°C đến 40,5°C, tốt hơn là từ 2°C đến 30,5°C, tốt hơn nếu ít nhất là 2,5°C đến 30,5°C, tốt hơn nếu ít nhất là 3°C đến 30,5°C, tốt hơn nếu ít

nhất là 3,5°C đến 30,5°C, tốt hơn nếu ít nhất là 4°C đến 30,5°C, tốt hơn nếu ít nhất là 4,5°C đến 30,5°C, tốt hơn nếu ít nhất là 5°C đến 30,5°C, tốt hơn nếu ít nhất là 5,5°C đến 30,5°C, tốt hơn nếu ít nhất là 6°C đến 30,5°C, tốt hơn nếu ít nhất là 6,5°C đến 30,5°C, tốt hơn nếu ít nhất là 7°C đến 30,5°C, tốt hơn nếu ít nhất là 7,5°C đến 30,5°C, tốt hơn nếu ít nhất là 8°C đến 30,5°C, tốt hơn nếu ít nhất là 8,5°C đến 30,5°C, tốt hơn nếu ít nhất là 9°C đến 30,5°C, tốt hơn nữa là từ 2°C đến 20,5°C, tốt hơn nữa nếu ít nhất là 2,5°C đến 20,5°C, tốt hơn nữa nếu ít nhất là 3°C đến 20,5°C, tốt hơn nữa nếu ít nhất là 3,5°C đến 20,5°C, tốt hơn nữa nếu ít nhất là 4°C đến 20,5°C, tốt hơn nữa nếu ít nhất là 4,5°C đến 20,5°C, tốt hơn nữa nếu ít nhất là 5°C đến 20,5°C, tốt hơn nữa nếu ít nhất là 5,5°C đến 20,5°C, tốt hơn nữa nếu ít nhất là 6°C đến 20,5°C, tốt hơn nữa nếu ít nhất là 6,5°C đến 20,5°C, tốt hơn nữa nếu ít nhất là 7°C đến 20,5°C, tốt hơn nữa nếu ít nhất là 7,5°C đến 20,5°C, tốt hơn nữa nếu ít nhất là 8°C đến 20,5°C, tốt hơn nữa nếu ít nhất là 8,5°C đến 20,5°C, tốt hơn nữa nếu ít nhất là 9°C đến 20,5°C, còn tốt hơn nữa là từ 2°C đến 15,5°C, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 2,5°C đến 15,5°C, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 3°C đến 15,5°C, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 3,5°C đến 15,5°C, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 4°C đến 15,5°C, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 4,5°C đến 15,5°C, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 5°C đến 15,5°C, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 5,5°C đến 15,5°C, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 6°C đến 15,5°C, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 6,5°C đến 15,5°C, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 7°C đến 15,5°C, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 7,5°C đến 15,5°C, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 8°C đến 15,5°C, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 8,5°C đến 15,5°C, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 9°C đến 15,5°C, còn tốt hơn nữa là từ 2°C đến 10,5°C, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 2,5°C đến 10,5°C, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 3°C đến 10,5°C, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 3,5°C đến 10,5°C, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 4°C đến 10,5°C, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 4,5°C đến 10,5°C, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 5°C đến 10,5°C, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 5,5°C đến 10,5°C, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 6°C đến 10,5°C, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 6,5°C đến 10,5°C, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 7°C đến 10,5°C, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 7,5°C đến 10,5°C, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 8°C đến 10,5°C, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 8,5°C đến 10,5°C, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 9°C đến 10,5°C, và tốt nhất nếu ít nhất là 4°C đến 9°C;

ii) mức tăng trị số *Tm50* ít nhất là 2°C đến 42,5°C, tốt hơn là từ 2°C đến 32,5°C, tốt hơn nếu ít nhất là 2,5°C đến 32,5°C, tốt hơn nếu ít nhất là 3°C đến 32,5°C, tốt hơn nếu ít

nhất là 3,5°C đến 32,5°C, tốt hơn nếu ít nhất là 4°C đến 32,5°C, tốt hơn nếu ít nhất là 4,5°C đến 32,5°C, tốt hơn nếu ít nhất là 5°C đến 32,5°C, tốt hơn nếu ít nhất là 5,5°C đến 32,5°C, tốt hơn nếu ít nhất là 6°C đến 32,5°C, tốt hơn nếu ít nhất là 6,5°C đến 32,5°C, tốt hơn nếu ít nhất là 7°C đến 32,5°C, tốt hơn nếu ít nhất là 7,5°C đến 32,5°C, tốt hơn nếu ít nhất là 8°C đến 32,5°C, tốt hơn nếu ít nhất là 8,5°C đến 32,5°C, tốt hơn nếu ít nhất là 9°C đến 32,5°C, tốt hơn nếu ít nhất là 9,5°C đến 32,5°C, tốt hơn nếu ít nhất là 10°C đến 32,5°C, tốt hơn nữa là từ 2°C đến 22,5°C, tốt hơn nữa nếu ít nhất là 2,5°C đến 22,5°C, tốt hơn nữa nếu ít nhất là 3°C đến 22,5°C, tốt hơn nữa nếu ít nhất là 3,5°C đến 22,5°C, tốt hơn nữa nếu ít nhất là 4°C đến 22,5°C, tốt hơn nữa nếu ít nhất là 4,5°C đến 22,5°C, tốt hơn nữa nếu ít nhất là 5°C đến 22,5°C, tốt hơn nữa nếu ít nhất là 5,5°C đến 22,5°C, tốt hơn nữa nếu ít nhất là 6°C đến 22,5°C, tốt hơn nữa nếu ít nhất là 6,5°C đến 22,5°C, tốt hơn nữa nếu ít nhất là 7°C đến 22,5°C, tốt hơn nữa nếu ít nhất là 7,5°C đến 22,5°C, tốt hơn nữa nếu ít nhất là 8°C đến 22,5°C, tốt hơn nữa nếu ít nhất là 8,5°C đến 22,5°C, tốt hơn nữa nếu ít nhất là 9°C đến 22,5°C, tốt hơn nữa nếu ít nhất là 9,5°C đến 22,5°C, tốt hơn nữa nếu ít nhất là 10°C đến 22,5°C, còn tốt hơn nữa là từ 2°C đến 17,5°C, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 2,5°C đến 17,5°C, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 3°C đến 17,5°C, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 3,5°C đến 17,5°C, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 4°C đến 17,5°C, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 4,5°C đến 17,5°C, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 5°C đến 17,5°C, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 5,5°C đến 17,5°C, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 6°C đến 17,5°C, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 6,5°C đến 17,5°C, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 7°C đến 17,5°C, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 7,5°C đến 17,5°C, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 8°C đến 17,5°C, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 8,5°C đến 17,5°C, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 9°C đến 17,5°C, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 9,5°C đến 17,5°C, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 10°C đến 17,5°C, còn tốt hơn nữa là từ 2°C đến 12,5°C, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 2,5°C đến 12,5°C, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 3°C đến 12,5°C, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 3,5°C đến 12,5°C, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 4°C đến 12,5°C, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 4,5°C đến 12,5°C, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 5°C đến 12,5°C, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 5,5°C đến 12,5°C, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 6°C đến 12,5°C, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 6,5°C đến 12,5°C, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 7°C đến 12,5°C, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 7,5°C đến 12,5°C, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 8°C đến 12,5°C, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 8,5°C đến 12,5°C, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là

9°C đến 12,5°C, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 9,5°C đến 12,5°C, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 10°C đến 12,5°C, và tốt nhất nếu ít nhất là 4°C đến 9°C;

iii) mức độ ổn định tốt hơn trong quá trình xử lý, đặc trưng bởi thời gian bán tồn dài hơn ở nhiệt độ 45°C nằm trong khoảng

i) ít nhất 3 lần đến 216 lần hoặc nhiều lần hơn, tốt hơn nếu ít nhất là 24 lần đến 216 lần hoặc nhiều lần hơn, tốt hơn nếu ít nhất là 39 lần đến 216 lần hoặc nhiều lần hơn, tốt hơn nếu ít nhất là 48 lần đến 216 lần hoặc nhiều lần hơn, tốt hơn nếu ít nhất là 96 lần đến 216 lần hoặc nhiều lần hơn, tốt hơn nếu ít nhất là 132 lần đến 216 lần hoặc nhiều lần hơn, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 216 lần hoặc nhiều lần hơn, và tốt nhất là 216 lần;

ii) ít nhất 24 lần đến 216 lần hoặc nhiều lần hơn, tốt hơn nếu ít nhất là 39 lần đến 216 lần hoặc nhiều lần hơn, tốt hơn nếu ít nhất là 48 lần đến 216 lần hoặc nhiều lần hơn, tốt hơn nếu ít nhất là 96 lần đến 216 lần hoặc nhiều lần hơn, tốt hơn nếu ít nhất là 132 lần đến 216 lần hoặc nhiều lần hơn, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 216 lần hoặc nhiều lần hơn, và tốt nhất là 216 lần;

iii) ít nhất là 96 lần đến 216 lần hoặc nhiều lần hơn, tốt hơn nếu ít nhất là 132 lần đến 216 lần hoặc nhiều lần hơn, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 216 lần hoặc nhiều lần hơn, và tốt nhất là 216 lần.

Theo phương án thứ 17 theo khía cạnh thứ hai mà cũng là một phương án trong số các phương án thứ 16 theo khía cạnh thứ hai, polypeptit, tốt hơn là trehaloza phosphorylaza, là polypeptit, tốt hơn là trehaloza phosphorylaza, như được xác định theo phương án bất kỳ trong số các phương án 1 đến 120 hoặc trong số các phương án bất kỳ khác của khía cạnh thứ nhất, tốt hơn là theo phương án bất kỳ trong số các phương án 27, 28, 29, 31, 35, 36, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 57, 69, 70, 75, 76, 77, 78, 79, 80, 82, 84, 88, 90, 93, 99, 100 và 102 của khía cạnh thứ nhất, tốt hơn nữa theo phương án bất kỳ trong số các phương án 27, 28, 29, 31, 35, 36, 57, 69, 70, 75, 76, 77, 78, 79, 80, 82, 84, 88, 90, 93, 99, 100 và 102 của khía cạnh thứ nhất.

Theo phương án thứ 18 của khía cạnh thứ hai mà cũng là một phương án trong số các phương án thứ 16 theo khía cạnh thứ hai, polypeptit, tốt hơn là trehaloza

phosphorylaza, là polypeptit, tốt hơn là trehaloza phosphorylaza, như được xác định theo phương án bất kỳ trong số các phương án 1 đến 120 hoặc trong số các phương án bất kỳ khác của khía cạnh thứ nhất, tốt hơn là theo phương án bất kỳ trong số các phương án 28, 29, 32, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 59, 60, 61, 62, 71, 72, 73, 74, 75, 76, 77, 78, 79, 80, 82, 84, 88, 91, 94, 99, 100 và 102 của khía cạnh thứ nhất, tốt hơn nữa theo phương án bất kỳ trong số các phương án 28, 29, 32, 37, 38, 39, 40, 59, 60, 61, 62, 71, 72, 73, 74, 75, 76, 77, 78, 79, 80, 82, 84, 88, 91, 94, 99, 100 và 102 của khía cạnh thứ nhất.

Theo phương án thứ 19 của khía cạnh thứ hai mà cũng là một phương án trong số các phương án thứ nhất, thứ hai, thứ ba, thứ tư, thứ năm, thứ sáu, thứ bảy, thứ tám, thứ chín, thứ mười, thứ mười một, thứ mười hai, thứ 13, thứ 14, thứ 15, thứ 16, thứ 17 và thứ 18 của khía cạnh thứ hai, polypeptit, tốt hơn là trehaloza phosphorylaza, là polypeptit, tốt hơn là trehaloza phosphorylaza, như được xác định theo phương án bất kỳ trong số các phương án 1 đến 120 hoặc trong số các phương án bất kỳ khác của khía cạnh thứ nhất, tốt hơn là như được xác định theo phương án bất kỳ trong số các phương án 28, 29, 32, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 59, 60, 61, 62, 71, 72, 73, 74, 75, 76, 77, 78, 79, 80, 82, 84, 88, 91, 94, 99, 100 và 102 của khía cạnh thứ nhất, tốt hơn nữa theo phương án bất kỳ trong số các phương án 28, 29, 32, 37, 38, 39, 40, 59, 60, 61, 62, 71, 72, 73, 74, 75, 76, 77, 78, 79, 80, 82, 84, 88, 91, 94, 99, 100 và 102 của khía cạnh thứ nhất, trong đó polypeptit, tốt hơn là trehaloza phosphorylaza, có khả năng xúc tác phản ứng của glucosyl monosacarit và alpha-D-glucoza-1 phosphat.

Theo phương án thứ 20 theo khía cạnh thứ hai mà cũng là một phương án trong số phương án thứ 19 của khía cạnh thứ hai, polypeptit, tốt hơn là trehaloza phosphorylaza, có khả năng xúc tác quá trình chuyển hóa

glucoza và alpha-D-glucoza-1 phosphat thành trehaloza và phosphat vô cơ

và/hoặc

quá trình chuyển hóa của

trehaloza và phosphat vô cơ thành glucoza và alpha-D-glucoza-1 phosphat.

Theo phương án thứ 21 theo khía cạnh thứ hai mà cũng là một phương án trong số các phương án thứ 19 và 20 của khía cạnh thứ hai, quá trình chuyển hóa này là chuyển hóa thuận nghịch.

Theo phương án thứ 22 theo khía cạnh thứ hai mà cũng là một phương án trong số các phương án thứ nhất, thứ hai, thứ ba, thứ tư, thứ năm, thứ sáu, thứ bảy, thứ tám, thứ chín, thứ mười, thứ mười một, thứ mười hai, thứ 13, thứ 14, thứ 15, thứ 16, thứ 17, thứ 18, thứ 19, thứ 20 và thứ 21 của khía cạnh thứ hai, polypeptit, tốt hơn là trehaloza phosphorylaza, là trehaloza phosphorylaza theo chỉ số phân loại theo hệ EC là EC 2.4.1.231.

Cụ thể hơn, các vấn đề này và các vấn đề khác được giải quyết theo khía cạnh thứ ba, mà cũng là phương án thứ nhất của khía cạnh thứ ba, bởi biến thể trehaloza phosphorylaza ổn nhiệt, trong đó biến thể giữ lại được ít nhất là 30% hoạt tính ban đầu của nó sau khi ủ trong thời gian 15 phút ở nhiệt độ 52°C trong dung dịch đệm chứa 1M sucroza, và hoạt tính ban đầu được xác định sau khi ủ trong thời gian 15 phút ở nhiệt độ trong phòng.

Theo phương án thứ 2 của khía cạnh thứ ba mà cũng là một phương án trong số các phương án thứ nhất của khía cạnh thứ ba, biến thể giữ lại được ít nhất là 50% hoạt tính ban đầu của nó sau khi ủ trong thời gian 15 phút ở nhiệt độ 52°C trong dung dịch đệm chứa 1M sucroza, và hoạt tính ban đầu được xác định sau khi ủ trong thời gian 15 phút ở nhiệt độ trong phòng.

Cụ thể hơn, các vấn đề này và các vấn đề khác được giải quyết theo khía cạnh thứ tư, mà cũng là phương án thứ nhất của khía cạnh thứ tư, bởi biến thể ổn nhiệt của trehaloza phosphorylaza mà thu được từ sinh vật thuộc ngành *Basidomycota*, tốt hơn là từ sinh vật thuộc nhóm *Agaricomycetes*, và tốt hơn là từ sinh vật thuộc giống của nhóm này bao gồm các giống *Schizophyllum*, *Pleurotus*, *Grifola*, *Agaricus*, *Tramestes*, *Coriolus*, *Tramestes*, *Trichaptum*, và *Lenzites*, và tốt nhất là từ các sinh vật *Schizophyllum commune*, hoặc từ *Grifola frondosa*, trong đó biến thể có hoạt tính còn lại ít nhất là 30% sau khi ủ ở nhiệt độ 52°C trong thời gian 15 phút, và hoạt tính ban đầu được xác định sau khi ủ trong thời gian 15 phút ở nhiệt độ trong phòng.

Theo phương án được ưu tiên của phương án thứ nhất của khía cạnh thứ tư của sáng chế, biến thể ổn nhiệt của trehaloza phosphorylaza có hoạt tính còn lại ít nhất là 30% sau khi ủ ở nhiệt độ 52°C trong thời gian 15 phút, trong đó hoạt tính ban đầu được xác định sau khi ủ trong thời gian 15 phút ở nhiệt độ trong phòng và trong đó trehaloza phosphorylaza là biến thể từ trehaloza phosphorylaza của *Schizophyllum commune*.

Theo phương án được ưu tiên khác của phương án thứ nhất của khía cạnh thứ tư của sáng chế, biến thể ổn nhiệt của trehaloza phosphorylaza có hoạt tính còn lại ít nhất là 30% sau khi ủ ở nhiệt độ 52°C trong thời gian 15 phút, và trong đó hoạt tính ban đầu được xác định sau khi ủ trong thời gian 15 phút ở nhiệt độ trong phòng và trong đó trehaloza phosphorylaza là biến thể từ trehaloza phosphorylaza của *Grifola frondosa*.

Cụ thể hơn, các vấn đề này và các vấn đề khác được giải quyết theo khía cạnh thứ 14, mà cũng là phương án thứ nhất của khía cạnh thứ 14, bằng polypeptit, tốt hơn là trehaloza phosphorylaza, chứa trình tự axit amin, trong đó trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza đồng nhất ít nhất là 85% với và/hoặc tương đồng ít nhất là 86% với trình tự axit amin của SEQ ID NO: 81 hoặc SEQ ID NO: 160, tốt hơn là SEQ ID NO: 160, trong đó trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza chứa thay thế axit amin ở một hoặc nhiều vị trí axit amin, trong đó một hoặc nhiều vị trí axit amin được chọn từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin 108, 112, 221, 300, 319, 345, 379, 483, 544, 550, 558, 584, 643, và 707 của SEQ ID NO:81 hoặc SEQ ID NO: 160, tốt hơn là của SEQ ID NO: 160, và mà tốt hơn nếu được chọn từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin 108, 112, 221, 300, 319, 379, 483, 544, 550, và 558 của SEQ ID NO:81 hoặc SEQ ID NO: 160, tốt hơn là của SEQ ID NO: 160, và tốt hơn nữa nếu được chọn từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin 108, 221, 319, 379, 483, 550, và 558 của SEQ ID NO: 81 hoặc SEQ ID NO: 160, tốt hơn là SEQ ID NO: 160.

Theo phương án thứ hai của khía cạnh thứ 14 mà cũng là một phương án trong số các phương án thứ nhất của khía cạnh thứ 14, một hoặc nhiều vị trí axit amin được chọn từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin L108, V112, N221, A300, T319, F345, P379, V483, V544, S550, Q558, N584, A643, và L707 của SEQ ID NO: 160, mà tốt hơn, nếu là được chọn từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin L108, V112, N221, A300, T319, P379, V483, V544, S550, và Q558 của SEQ ID NO: 160, và tốt hơn nữa nếu được chọn

từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin L108, V221, T319, P379, V483, S550, và Q558 của SEQ ID NO: 160.

Theo phương án thứ ba của khía cạnh thứ 14 mà cũng là một phương án trong số các phương án thứ nhất của khía cạnh thứ 14, một hoặc nhiều vị trí axit amin được chọn từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin L108, V112, N221, A300, T319, F345, P379, I483, V544, S550, Q558, N584, A643, và L707 của SEQ ID NO:81, mà tốt hơn, nếu là được chọn từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin L108, V112, N221, A300, T319, P379, I483, V544, S550, và Q558 của SEQ ID NO:81, và tốt hơn nữa nếu được chọn từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin L108, V221, T319, P379, I483, S550, và 558 của SEQ ID NO:81.

Theo phương án thứ tư của khía cạnh thứ 14 mà cũng là một phương án trong số các phương án bất kỳ khác của khía cạnh thứ 14, trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza chứa thay thế axit amin ở một hoặc nhiều vị trí axit amin, trong đó một hoặc nhiều vị trí axit amin được chọn từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin 108, 112, 221, 300, 319, 345, 379, 483, 544, 550, 558, 584, 643, và 707 của SEQ ID NO: 81 hoặc SEQ ID NO: 160, tốt hơn là của SEQ ID NO: 160. Như phát hiện được một cách đáng ngạc nhiên ở trường hợp theo sáng chế, đột biến của một hoặc nhiều vị trí này làm tăng mức độ bền nhiệt của enzym dẫn đến hoạt tính còn lại sau 15 phút ủ ở 52,5°C ít nhất là 12% so với 9% ở trehaloza phosphorylaza được mã hóa bởi trình tự axit amin loại thường có trình tự SEQ ID NO: 160.

Theo phương án thứ năm được ưu tiên của khía cạnh thứ 14 mà cũng là một phương án trong số các phương án bất kỳ khác của khía cạnh thứ 14, trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza chứa thay thế axit amin ở một hoặc nhiều vị trí axit amin, trong đó một hoặc nhiều vị trí axit amin được chọn từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin 108, 112, 221, 300, 319, 379, 483, 544, 550, và 558 của SEQ ID NO: 81 hoặc SEQ ID NO: 160, tốt hơn là của SEQ ID NO: 160. Như phát hiện được một cách đáng ngạc nhiên ở trường hợp theo sáng chế, đột biến của một hoặc nhiều vị trí này làm tăng mức độ bền nhiệt của enzym dẫn đến hoạt tính còn lại sau 15 phút ủ ở 52,5°C ít nhất là 30% so với 9% ở trehaloza phosphorylaza được mã hóa bởi trình tự axit amin loại thường được thể hiện ở trình tự SEQ ID NO: 160.

Theo phương án thứ sáu của khía cạnh thứ 14 mà cũng là một phương án trong số các phương án thứ nhất của khía cạnh thứ 14, trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza chứa thay thế axit amin ở một hoặc nhiều vị trí axit amin, trong đó tốt hơn nữa một hoặc nhiều vị trí axit amin được chọn từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin 108, 221, 319, 379, 483, 550, và 558 của SEQ ID NO: 81 hoặc SEQ ID NO: 160, tốt hơn là SEQ ID NO: 160. Như phát hiện được một cách đáng ngạc nhiên ở trường hợp theo sáng chế, đột biến của các vị trí này làm tăng mức độ bền nhiệt của enzym dẫn đến hoạt tính còn lại sau 15 phút ủ ở nhiệt độ 52,5°C ít nhất là 50% so với 9% ở trehaloza phosphorylaza được mã hóa bởi trình tự axit amin loại thường được thể hiện ở trình tự SEQ ID NO: 160.

Theo phương án thứ bảy của khía cạnh thứ 14, mà cũng là một phương án trong số các phương án bất kỳ trước của khía cạnh thứ 14, trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza chứa trình tự axit amin theo một trong số các SEQ ID NO: 161, 162, 163, 164, 165, 166, 167, 168, 169, 170, 171, 172, 173, 174, 175, 176, 177, 178, 179, 180, 181, 182, 183, 184, 185, 186, 187, 188, và 189, tốt hơn là theo một trong số các SEQ ID NO: 163, 165, 166, 168, 171, 173, 176, 177, 178, 179, 180, 184, 185, 186, 187, 188, và 189, tốt hơn nữa theo một trong số các SEQ ID NO: 176, 178, 180, 185, và 188.

Theo phương án thứ tám của khía cạnh thứ 14, mà cũng là một phương án trong số các phương án bất kỳ trước của khía cạnh thứ 14, trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza bao gồm trình tự axit amin theo một trong số các SEQ ID NO: 161, 162, 163, 164, 165, 166, 167, 168, 169, 170, 171, 172, 173, 174, 175, 176, 177, 178, 179, 180, 181, 182, 183, 184, 185, 186, 187, 188, và 189, tốt hơn là theo một trong số các SEQ ID NO: 163, 165, 166, 168, 171, 173, 176, 177, 178, 179, 180, 184, 185, 186, 187, 188, và 189, tốt hơn nữa theo một trong số các SEQ ID NO: 176, 178, 180, 185, và 188.

Theo phương án thứ chín của khía cạnh thứ 14 mà cũng là một phương án trong số các phương án bất kỳ trước của khía cạnh thứ 14, một hoặc nhiều vị trí axit amin là hai hoặc nhiều vị trí axit amin.

Theo phương án thứ mười của khía cạnh thứ 14 mà cũng là một phương án trong số các phương án bất kỳ trước của khía cạnh thứ 14, một hoặc nhiều vị trí axit amin là ba hoặc nhiều vị trí axit amin.

Theo phương án thứ mười một của khía cạnh thứ 14 mà cũng là một phương án trong số các phương án bất kỳ trước của khía cạnh thứ 14, một hoặc nhiều vị trí axit amin là bốn hoặc nhiều vị trí axit amin.

Theo phương án thứ mười hai của khía cạnh thứ 14 mà cũng là một phương án trong số các phương án bất kỳ trước của khía cạnh thứ 14, hai hoặc nhiều vị trí axit amin chứa cặp gồm hai vị trí axit amin, trong đó cặp gồm hai vị trí axit amin được chọn từ nhóm bao gồm 108 và 112, 108 và 221, 108 và 300, 108 và 319, 108 và 345, 108 và 379, 108 và 483, 108 và 544, 108 và 550, 108 và 558, 108 và 584, 108 và 643, 108 và 707, 112 và 221, 112 và 300, 112 và 319, 112 và 345, 112 và 379, 112 và 483, 112 và 544, 112 và 550, 112 và 558, 112 và 584, 112 và 643, 112 và 707, 221 và 300, 221 và 319, 221 và 345, 221 và 379, 221 và 483, 221 và 544, 221 và 550, 221 và 558, 221 và 584, 221 và 643, 221 và 707, 300 và 319, 300 và 345, 300 và 379, 300 và 483, 300 và 544, 300 và 550, 300 và 558, 300 và 584, 300 và 643, 300 và 707, 319 và 345, 319 và 379, 319 và 483, 319 và 544, 319 và 550, 319 và 558, 319 và 584, 319 và 643, 319 và 707, 345 và 379, 345 và 483, 345 và 544, 345 và 550, 345 và 558, 345 và 584, 345 và 643, 345 và 707, 379 và 483, 379 và 544, 379 và 550, 379 và 558, 379 và 584, 379 và 643, 379 và 707, 483 và 544, 483 và 550, 483 và 558, 483 và 584, 483 và 643, 483 và 707, 544 và 550, 544 và 558, 544 và 584, 544 và 643, 544 và 707, 550 và 558, 550 và 584, 550 và 643, 550 và 707, 558 và 584, 558 và 643, 558 và 707, 584 và 643, 584 và 707, và 643 và 707 của SEQ ID NO: 160 hoặc SEQ ID NO: 81, tốt hơn là từ nhóm gồm L108 và V112, L108 và N221, L108 và A300, L108 và T319, L108 và F345, L108 và P379, L108 và V483 lần lượt của SEQ ID NO: 160 hoặc I483 của SEQ ID NO: 81, L108 và V544, L108 và S550, L108 và Q558, L108 và N584, L108 và A643, L108 và L707, V112 và N221, V112 và A300, V112 và T319, V112 và F345, V112 và P379, V112 và V483 lần lượt của SEQ ID NO: 160 hoặc I483 của SEQ ID NO: 81, V112 và V544, V112 và S550, V112 và Q558, V112 và N584, V112 và A643, V112 và L707, N221 và A300, N221 và T319, N221 và F345, N221 và P379, N221 và V483 lần lượt của SEQ ID NO: 160 hoặc I483 của SEQ ID NO: 81, N221 và V544, N221 và S550, N221 và Q558, N221 và N584, N221 và A643, N221 và L707, A300 và T319, A300 và F345, A300 và P379, A300 và V483 lần lượt của SEQ ID NO: 160 hoặc I483 của SEQ ID NO: 81, A300 và V544, A300 và S550, A300 và Q558, A300 và N584, A300 và A643, A300 và L707, T319 và

F345, T319 và P379, T319 và V483 lần lượt của SEQ ID NO: 160 hoặc I483 của SEQ ID NO: 81, T319 và V544, T319 và S550, T319 và Q558, T319 và N584, T319 và A643, T319 và L707, F345 và P379, F345 và V483 lần lượt của SEQ ID NO: 160 hoặc I483 của SEQ ID NO: 81, F345 và V544, F345 và S550, F345 và Q558, F345 và N584, F345 và A643, F345 và L707, P379 và V483 lần lượt của SEQ ID NO: 160 hoặc I483 của SEQ ID NO: 81, P379 và V544, P379 và S550, P379 và Q558, P379 và N584, P379 và A643, P379 và L707, V483 lần lượt của SEQ ID NO: 160 hoặc I483 của SEQ ID NO: 81, và V544, V483 lần lượt của SEQ ID NO: 160 hoặc I483 của SEQ ID NO: 81, và S550, V483 lần lượt của SEQ ID NO: 160 hoặc I483 của SEQ ID NO: 81, và Q558, V483 lần lượt của SEQ ID NO: 160 hoặc I483 của SEQ ID NO: 81, và N584, V483 lần lượt của SEQ ID NO: 160 hoặc I483 của SEQ ID NO: 81, và A643, V483 lần lượt của SEQ ID NO: 160 hoặc I483 của SEQ ID NO: 81, và L707, V544 và S550, V544 và Q558, V544 và N584, V544 và A643, V544 và L707, S550 và Q558, S550 và N584, S550 và A643, S550 và L707, Q558 và N584, Q558 và A643, Q558 và L707, N584 và A643, N584 và L707, và A643 và L707.

Theo phương án thứ 13 của khía cạnh thứ 14 mà cũng là một phương án trong số các phương án bất kỳ trước của khía cạnh thứ 14, cặp gồm hai vị trí axit amin được chọn từ nhóm bao gồm L108 và V112, L108 và N221, L108 và A300, L108 và T319, L108 và P379, L108 và V483 lần lượt của SEQ ID NO: 160 hoặc I483 của SEQ ID NO: 81, L108 và V544, L108 và S550, L108 và Q558, V112 và N221, V112 và A300, V112 và T319, V112 và P379, V112 và V483 lần lượt của SEQ ID NO: 160 hoặc I483 của SEQ ID NO: 81, V112 và V544, V112 và S550, V112 và Q558, N221 và A300, N221 và T319, N221 và P379, N221 V483 lần lượt của SEQ ID NO: 160 hoặc I483 của SEQ ID NO: 81, N221 và V544, N221 và S550, N221 và Q558, A300 và T319, A300 và P379, A300 và V483 lần lượt của SEQ ID NO: 160 hoặc I483 của SEQ ID NO: 81, A300 và V544, A300 và S550, A300 và Q558, T319 và P379, T319 và V483 lần lượt của SEQ ID NO: 160 hoặc I483 của SEQ ID NO: 81, T319 và V544, T319 và S550, T319 và Q558, P379 và V483 lần lượt của SEQ ID NO: 160 hoặc I483 của SEQ ID NO: 81, P379 và V544, P379 và S550, P379 và Q558, V483 lần lượt của SEQ ID NO: 160 hoặc I483 của SEQ ID NO: 81, và V544, V483 lần lượt của SEQ ID NO: 160 hoặc I483 của SEQ ID NO: 81, và S550,

V483 lần lượt của SEQ ID NO: 160 hoặc I483 của SEQ ID NO: 81, và Q558, V544 và S550, V544 và Q558, và S550 và Q558.

Theo phương án thứ 14 của khía cạnh thứ 14 mà cũng là một phương án trong số các phương án bất kỳ trước của khía cạnh thứ 14, cặp gồm hai vị trí axit amin được chọn từ nhóm bao gồm L108 và T319, L108 và P379, L108 và V483 lần lượt của SEQ ID NO: 160 hoặc I483 của SEQ ID NO: 81, L108 và S550, L108 và Q558, N221 và T319, N221 và P379, N221 và V483 lần lượt của SEQ ID NO: 160 hoặc I483 của SEQ ID NO: 81, N221 và V544, N221 và S550, N221 và Q558, T319 và P379, T319 và V483 lần lượt của SEQ ID NO: 160 hoặc I483 của SEQ ID NO: 81,T319 và V544, T319 và S550, T319 và Q558, P379 và V483 lần lượt của SEQ ID NO: 160 hoặc I483 của SEQ ID NO: 81, P379 và V544, P379 và S550, P379 và Q558, V483 lần lượt của SEQ ID NO: 160 hoặc I483 của SEQ ID NO: 81, và V544, V483 lần lượt của SEQ ID NO: 160 hoặc I483 của SEQ ID NO: 81, và S550, V483 lần lượt của SEQ ID NO: 160 hoặc I483 của SEQ ID NO: 81, và Q558, và S550 và Q558.

Theo phương án thứ 15 của khía cạnh thứ 14 mà cũng là một phương án trong số các phương án bất kỳ khác trước của khía cạnh thứ 14, ngoài thay thế ở hai vị trí axit amin, trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza có thay thế axit amin ở ít nhất là một hoặc nhiều vị trí axit amin bổ sung, trong đó một hoặc nhiều vị trí axit amin bổ sung được chọn từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin 108, 112, 221, 300, 319, 345, 379, 483, 544, 550, 558, 584, 643, và 707 của SEQ ID NO: 81 hoặc SEQ ID NO: 160, tốt hơn là SEQ ID NO: 160, tốt hơn nếu ngoài thay thế ở hai vị trí axit amin, trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza có thay thế axit amin ở ít nhất là một hoặc nhiều vị trí axit amin bổ sung, trong đó một hoặc nhiều vị trí axit amin bổ sung được chọn từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin 108, 112, 221, 300, 319, 379, 483, 544, 550, và 558 của SEQ ID NO: 81 hoặc SEQ ID NO: 160, tốt hơn là SEQ ID NO: 160, tốt hơn nữa, ngoài thay thế ở hai vị trí axit amin, trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza có thay thế axit amin ở ít nhất là một hoặc nhiều vị trí axit amin bổ sung, trong đó một hoặc nhiều vị trí axit amin bổ sung được chọn từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin 108, 221, 319, 379, 483, 550, và 558 của SEQ ID NO: 81 hoặc SEQ ID NO: 160, tốt hơn là SEQ ID NO: 160.

Theo phương án thứ 16 của khía cạnh thứ 14 mà cũng là một phương án trong số phương án khác của khía cạnh thứ 14, một hoặc nhiều vị trí axit amin bổ sung được chọn

từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin L108, V112, N221, A300, T319, F345, P379, và V483 lần lượt của SEQ ID NO: 160 hoặc I483 của SEQ ID NO: 81, V544, S550, Q558, N584, A643, và L707 của SEQ ID NO: 81 hoặc SEQ ID NO: 160, tốt hơn là SEQ ID NO: 160, tốt hơn nếu ngoài thay thế ở hai vị trí axit amin, trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza có thay thế axit amin ở ít nhất là một hoặc nhiều vị trí axit amin bổ sung, trong đó một hoặc nhiều vị trí axit amin bổ sung được chọn từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin L108, V112, N221, A300, T319, P379, và V483 lần lượt của SEQ ID NO: 160 hoặc I483 của SEQ ID NO: 81, V544, S550, và Q558 của SEQ ID NO: 81 hoặc SEQ ID NO: 160, tốt hơn là SEQ ID NO: 160, tốt hơn nữa nếu ngoài thay thế ở hai vị trí axit amin, trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza có thay thế axit amin ở ít nhất là một hoặc nhiều vị trí axit amin bổ sung, trong đó một hoặc nhiều vị trí axit amin bổ sung được chọn từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin L108, V221, T319, P379, và V483 lần lượt của SEQ ID NO: 160 hoặc I483 của SEQ ID NO: 81, S550, và Q558 của SEQ ID NO: 81 hoặc SEQ ID NO: 160, tốt hơn là SEQ ID NO: 160.

Theo phương án thứ 17 của khía cạnh thứ 14 mà cũng là một phương án trong số các phương án bất kỳ khác trước của khía cạnh thứ 14, thay thế ở vị trí bất kỳ trong số các vị trí axit amin được chọn từ nhóm axit amin bao gồm A, R, N, D, C, Q, E, G, H, I, L, K, M, F, P, S, T, W, Y, và V, tốt hơn là thay thế ở vị trí bất kỳ trong số các vị trí axit amin được chọn một cách riêng rẽ và độc lập từ nhóm axit amin bao gồm A, R, N, D, C, Q, E, G, H, I, L, K, M, F, P, S, T, W, Y, và V.

Theo phương án thứ 18 của khía cạnh thứ 14 mà cũng là một phương án trong số các phương án thứ mười hai của khía cạnh thứ 14 hoặc phương án trước bất kỳ khác của khía cạnh thứ 14, thay thế ở vị trí bất kỳ trong số các vị trí axit amin của SEQ ID NO: 81 hoặc SEQ ID NO: 160, tốt hơn là các vị trí 108, 112, 221, 300, 319, 345, 379, 483, 544, 550, 558, 584, 643, và 707 của SEQ ID NO: 160.

Theo phương án thứ 19 của khía cạnh thứ 14 mà cũng là một phương án trong số các phương án thứ 13 của khía cạnh thứ 14 hoặc phương án trước bất kỳ khác của khía cạnh thứ 14, thay thế ở vị trí bất kỳ trong số các vị trí axit amin của SEQ ID NO: 81 hoặc SEQ ID NO: 160, tốt hơn là L108, V112, N221, A300, T319, F345, P379, V483, V544, S550, Q558, N584, A643, và L707 của SEQ ID NO: 160.

Theo phương án thứ 20 của khía cạnh thứ 14 mà cũng là một phương án trong số các phương án bất kỳ khác trước của khía cạnh thứ 14, trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza chứa một hoặc nhiều thay thế, trong đó thay thế được chọn từ nhóm bao gồm

thay thế axit amin ở vị trí L108 của SEQ ID NO: 81 hoặc SEQ ID NO: 160, tốt hơn là SEQ ID NO: 160 với thay thế là L108A, L108G, L108I, L108M, L108P hoặc L108V, tốt hơn là L108I;

thay thế axit amin ở vị trí V112 của SEQ ID NO: 81 hoặc SEQ ID NO: 160, tốt hơn là SEQ ID NO: 160 với thay thế là V112A, V112G, V112L, V112M, V112P hoặc V112I, tốt hơn là V112I;

thay thế axit amin ở vị trí N221 của SEQ ID NO: 81 hoặc SEQ ID NO: 160, tốt hơn là SEQ ID NO: 160 với thay thế là N221A, N221G, N221I, N221L, N221M, N221P hoặc N221V, tốt hơn là N221I, N221L, N221M hoặc N221V, và tốt hơn nữa N221V;

thay thế axit amin ở vị trí A300 của SEQ ID NO: 81 hoặc SEQ ID NO: 160, tốt hơn là SEQ ID NO: 160 với thay thế là A300G, A300I, A300L, A300M, A300P hoặc A300V, tốt hơn là A300I hoặc A300L, và tốt hơn nữa A300I;

thay thế axit amin ở vị trí T319 của SEQ ID NO: 81 hoặc SEQ ID NO: 160, tốt hơn là SEQ ID NO: 160 với thay thế là T319A, T319G, T319I, T319L, T319M, T319P, hoặc T319V, tốt hơn là T319I hoặc T319V, và tốt hơn nữa T319I;

thay thế axit amin ở vị trí P379 của SEQ ID NO: 81 hoặc SEQ ID NO: 160, tốt hơn là SEQ ID NO: 160 với thay thế là P379A, P379G, P379I, P379L, P379M, P379V, P379N, P379C, P379Q, P379S hoặc P379T, tốt hơn là P379A, P379G, P379M, P379V, P379N, P379C, P379Q, P379S hoặc P379T, tốt hơn nữa P379G, P379V, P379C hoặc P379S, hoặc P379T, còn tốt hơn nữa P379V hoặc P379T, và tốt nhất là P379V;

thay thế axit amin ở vị trí I483 của SEQ ID NO: 81 với thay thế là I483A, I483G, I483I, I483L, I483M, I483P hoặc I483V, tốt hơn là I483A, I483G, I483L, I483M hoặc I483V, tốt hơn nữa I483A;

thay thế axit amin ở vị trí Q483 của SEQ ID NO: 160 với thay thế là Q483A, Q483G, Q483I, Q483L, Q483M, Q483P hoặc Q483V, tốt hơn là Q483A, Q483G, Q483L, Q483M hoặc Q483V, tốt hơn nữa Q483A;

thay thế axit amin ở vị trí V544 của SEQ ID NO: 81 hoặc SEQ ID NO: 160, tốt hơn là SEQ ID NO: 160 với thay thế là V544A, V544G, V544I, V544L, V544M hoặc V544P, tốt hơn là V544I hoặc V544P, và tốt hơn nữa V544I;

thay thế axit amin ở vị trí S550 của SEQ ID NO: 81 hoặc SEQ ID NO: 160, tốt hơn là SEQ ID NO: 160 với thay thế là S550N, S550C, S550Q hoặc S550T, tốt hơn là S550T;

thay thế axit amin ở vị trí Q558 của SEQ ID NO: 81 hoặc SEQ ID NO: 160, tốt hơn là SEQ ID NO: 160 với thay thế là Q558D hoặc Q558E, tốt hơn là Q558E;

thay thế axit amin ở vị trí D558 của SEQ ID NO: 81 hoặc SEQ ID NO: 160, tốt hơn là SEQ ID NO: 160 với thay thế là D558N, D558C, D558Q, D558S, D558T, D558A, D558G, D558I, D558L, D558M, D558P hoặc D558V, tốt hơn là D558N, D558G hoặc D558A, và tốt hơn nữa D558N;

thay thế axit amin ở vị trí A643 của SEQ ID NO: 81 hoặc SEQ ID NO: 160, tốt hơn là SEQ ID NO: 160 với thay thế là A643D hoặc A643E, tốt hơn là A643E;

thay thế axit amin ở vị trí L707 của SEQ ID NO: 81 hoặc SEQ ID NO: 160, tốt hơn là SEQ ID NO: 160 với thay thế là L707A, L707G, L707I, L707M, L707P hoặc L707V, tốt hơn là L707M.

Theo phương án thứ 21 của khía cạnh thứ 14 mà cũng là một phương án trong số các phương án bất kỳ khác trước của khía cạnh thứ 14, mức độ đồng nhất của trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza với trình tự axit amin của SEQ ID NO: 81 hoặc SEQ ID NO: 160, tốt hơn là SEQ ID NO: 160 ít nhất là 85%, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 86%, hoặc ít nhất là 87%, hoặc ít nhất là 88%, hoặc ít nhất là 89%, hoặc ít nhất là 90%, còn tốt hơn nữa nếu ít nhất là 91%, hoặc ít nhất là 92%, hoặc ít nhất là 93%, hoặc ít nhất là 94%, hoặc ít nhất là 95%, và tốt nhất là ít nhất là 96%, hoặc ít nhất là 97%, hoặc ít nhất là 98%, hoặc ít nhất là 99%, ít nhất là 99,1%, hoặc ít nhất là 99,2%, hoặc ít nhất là 99,3%, hoặc ít nhất là 99,4%, hoặc ít nhất là 99,5%, hoặc ít nhất là 99,6%, hoặc ít nhất là 99,7%, hoặc ít nhất là 99,8%, và cụ thể là ít nhất là 99,9%, hoặc 100%.

Theo phương án thứ 22 của khía cạnh thứ 14 mà cũng là một phương án trong số các phương án bất kỳ khác trước của khía cạnh thứ 14, trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza đồng nhất ít nhất là 85% với trình tự axit amin của SEQ ID NO: 161, 162, 163, 164, 165, 166, 167, 168, 169, 170, 171, 172, 173, 174, 175, 176, 177, 178, 179, 180, 181, 182, 183, 184, 185, 186, 187, 188, 189, tốt hơn là theo một trong số các SEQ ID NO: 163, 165, 166, 168, 171, 173, 176, 177, 178, 179, 180, 184, 185, 186, 187, 188, 189,2, 84, 85, 87, 88, 89, 91, 92, 93, 94, 95, 97, 98, 99, 100, 101, 102, 103, 104, 105, 106, 107, 109, tốt hơn nữa theo một trong số các SEQ ID NO: 176, 178, 180, 185, 188.

Theo phương án thứ 23 của khía cạnh thứ 14 mà cũng là một phương án trong số phương án thứ 17 hoặc phương án trước bất kỳ khác của khía cạnh thứ 14, mức độ đồng nhất của trình tự axit amin ít nhất là 86%, hoặc ít nhất là 87%, hoặc ít nhất là 88%, hoặc ít nhất là 89%, hoặc ít nhất là 90%, tốt hơn nữa nếu ít nhất là 91%, hoặc ít nhất là 92%, hoặc ít nhất là 93%, hoặc ít nhất là 94%, hoặc ít nhất là 95%, và tốt nhất là ít nhất là 96%, hoặc ít nhất là 97%, hoặc ít nhất là 98%, hoặc ít nhất là 99%, ít nhất là 99,1%, hoặc ít nhất là 99,2%, hoặc ít nhất là 99,3%, hoặc ít nhất là 99,4%, hoặc ít nhất là 99,5%, hoặc ít nhất là 99,6%, hoặc ít nhất là 99,7%, hoặc ít nhất là 99,8%, và cụ thể là ít nhất là 99,9%, hoặc 100%.

Theo phương án thứ 24 của khía cạnh thứ 14 mà cũng là một phương án trong số các phương án trước bất kỳ khác của khía cạnh thứ 14, polypeptit, tốt hơn là trehaloza phosphorylaza, có khả năng xúc tác phản ứng của glycosyl monosacarit và alpha-D-glucoza-1 phosphat.

Theo phương án thứ 25 của khía cạnh thứ 14 mà cũng là một phương án trong số phương án thứ 19 của khía cạnh thứ 14, polypeptit, tốt hơn là trehaloza phosphorylaza có khả năng xúc tác quá trình chuyển hóa

glucoza và alpha-D-glucoza-1 phosphat thành trehaloza và phosphat vô cơ

và/hoặc

chuyển hóa của

trehaloza và phosphat vô cơ thành glucoza và alpha-D-glucoza-1 phosphat.

Theo phương án thứ 26 của khía cạnh thứ 14 mà cũng là một phương án trong số các phương án thứ 19 và 20 của khía cạnh thứ 14, quá trình chuyển hóa này là chuyển hóa thuận nghịch.

Theo phương án thứ 27 của khía cạnh thứ 14 mà cũng là một phương án trong số các phương án bất kỳ khác trước của khía cạnh thứ 14, polypeptit, tốt hơn là trehaloza phosphorylaza là trehaloza phosphorylaza theo chỉ số phân loại theo hệ EC là EC 2.4.1.231.

Theo phương án thứ 28 của khía cạnh thứ 14 mà cũng là một phương án trong số các phương án trước bất kỳ khác của khía cạnh thứ 14, polypeptit, tốt hơn là trehaloza phosphorylaza, khác biệt ở tính ổn định nhiệt sau khi ủ ở 52,5°C trong thời gian 15 phút được xác định theo hoạt tính còn lại nằm trong khoảng từ 15% đến 100%, tốt hơn là từ 30% đến 100%, tốt hơn nữa 50% đến 100%, và tốt nhất là từ 70% đến 100%.

Cụ thể hơn, các vấn đề này và các vấn đề khác được giải quyết theo khía cạnh thứ 15, mà cũng là phương án thứ nhất của khía cạnh thứ 15, bằng polypeptit, tốt hơn là trehaloza phosphorylaza, chứa trình tự axit amin, trong đó trình tự axit amin của polypeptit, tốt hơn là của trehaloza phosphorylaza, đồng nhất ít nhất là 85% với và/hoặc tương đồng ít nhất là 85% với trình tự axit amin của SEQ ID NO: 81 hoặc SEQ ID NO: 160, tốt hơn là SEQ ID NO: 160, trong đó polypeptit, tốt hơn là trehaloza phosphorylaza, khác biệt ở tính ổn định nhiệt sau khi ủ ở 52,5°C trong thời gian 15 phút được xác định theo hoạt tính còn lại nằm trong khoảng từ 15% đến 100%, tốt hơn là từ 30% đến 100%, tốt hơn nữa 50% đến 100%, và tốt nhất là từ 70% đến 100%.

Theo phương án thứ hai của khía cạnh thứ 15, mà cũng là một phương án trong số các phương án thứ nhất của khía cạnh thứ 15, polypeptit, tốt hơn là trehaloza phosphorylaza được xác định là theo phương án bất kỳ trong số các phương án của khía cạnh thứ 14.

Theo phương án được ưu tiên của phương án thứ hai của khía cạnh thứ 15, polypeptit, tốt hơn là trehaloza phosphorylaza được xác định là theo phương án bất kỳ trong số các phương án của khía cạnh thứ 14, tốt hơn là phương án thứ năm của khía cạnh thứ 14.

Theo phương án được ưu tiên của phương án thứ hai của khía cạnh thứ 15, polypeptit, tốt hơn là trehaloza phosphorylaza được xác định là theo phương án bất kỳ trong số các phương án của khía cạnh thứ 14, tốt hơn là phương án thứ sáu của khía cạnh thứ 14.

Theo phương án thứ ba của khía cạnh thứ 15, mà cũng là một phương án trong số các phương bất kỳ khác của khía cạnh thứ 14 và thứ 15 polypeptit, tốt hơn là trehaloza phosphorylaza, khác biệt ở tính ổn định nhiệt sau khi ủ ở 52,5°C trong thời gian 15 phút được xác định theo hoạt tính còn lại trong khoảng từ 30% đến 100%, tốt hơn nữa là từ 50% đến 100%, và tốt nhất là từ 70% đến 100%.

Theo phương án được ưu tiên của phương án thứ ba của khía cạnh thứ 15, polypeptit, tốt hơn là trehaloza phosphorylaza được xác định là theo phương án bất kỳ trong số các phương án của khía cạnh thứ 14, tốt hơn là phương án thứ năm của khía cạnh thứ 14.

Theo phương án được ưu tiên của phương án thứ ba của khía cạnh thứ 15, polypeptit, tốt hơn là trehaloza phosphorylaza được xác định là theo phương án bất kỳ trong số các phương án của khía cạnh thứ 14, tốt hơn là phương án thứ sáu của khía cạnh thứ 14.

Theo phương án thứ tư của khía cạnh thứ 15 mà cũng là một phương án trong số các phương bất kỳ khác của khía cạnh thứ 14 và thứ 15, trong đó polypeptit, tốt hơn là trehaloza phosphorylaza, có khả năng xúc tác phản ứng của glucosyl monosacarit và alpha-D-glucoza-1 phosphat.

Theo phương án thứ năm của khía cạnh thứ 15 mà cũng là một phương án trong số các phương án bất kỳ của khía cạnh thứ 14 và thứ 15, polypeptit, tốt hơn là trehaloza phosphorylaza, có khả năng xúc tác quá trình chuyển hóa

glucoza và alpha-D-glucoza-1 phosphat thành trehaloza và phosphat vô cơ

và/hoặc

quá trình chuyển hóa

trehaloza và phosphat vô cơ thành glucoza và alpha-D-glucoza-1 phosphat.

Theo phương án thứ sáu của khía cạnh thứ 15 mà cũng là một phương án trong số các phương án thứ tư và thứ sáu của khía cạnh thứ 15 hoặc phương án bất kỳ trong số các phương án của khía cạnh thứ 14 và thứ 15, quá trình chuyển hóa này là chuyển hóa thuận nghịch.

Theo phương án thứ bảy của khía cạnh thứ 15 mà cũng là một phương án bất kỳ trong các phương án của khía cạnh thứ 14 và thứ 15, polypeptit, tốt hơn là trehaloza phosphorylaza, là trehaloza phosphorylaza theo chỉ số phân loại theo hệ EC là EC 2.4.1.231.

Cụ thể hơn, các vấn đề này và các vấn đề khác được giải quyết theo khía cạnh thứ năm, mà cũng là phương án thứ nhất của khía cạnh thứ năm, bằng biến thể ổn nhiệt của trehaloza phosphorylaza chứa trình tự axit amin của SEQ ID NO: 1, hoặc SEQ ID NO: 160, hoặc SEQ ID NO: 81, trong đó biến thể có hoạt tính còn lại ít nhất là 30% sau khi ủ ở nhiệt độ 52°C trong thời gian 15 phút, và hoạt tính ban đầu được xác định sau khi ủ trong thời gian 15 phút ở nhiệt độ trong phòng.

Theo phương án được ưu tiên của phương án thứ nhất của khía cạnh thứ năm của sáng chế biến thể ổn nhiệt của trehaloza phosphorylaza chứa trình tự axit amin của SEQ ID NO: 1, trong đó biến thể này có hoạt tính còn lại ít nhất là 30% sau khi ủ ở nhiệt độ 52°C trong thời gian 15 phút, và hoạt tính ban đầu được xác định sau khi ủ trong thời gian 15 phút ở nhiệt độ trong phòng.

Theo phương án được ưu tiên khác của phương án thứ nhất của khía cạnh thứ năm của sáng chế, biến thể ổn nhiệt của trehaloza phosphorylaza chứa trình tự axit amin của SEQ ID NO:160, trong đó biến thể có hoạt tính còn lại ít nhất là 30% sau khi ủ ở nhiệt độ

52°C trong thời gian 15 phút, và hoạt tính ban đầu được xác định sau khi ủ trong thời gian 15 phút ở nhiệt độ trong phòng.

Theo phương án được ưu tiên của phương án thứ nhất của khía cạnh thứ năm của sáng chế, biến thể ổn nhiệt của trehaloza phosphorylaza chứa trình tự axit amin của SEQ ID NO:81, trong đó biến thể có hoạt tính còn lại ít nhất là 30% sau khi ủ ở nhiệt độ 52°C trong thời gian 15 phút, và hoạt tính ban đầu được xác định sau khi ủ trong thời gian 15 phút ở nhiệt độ trong phòng.

Theo phương án thứ hai của khía cạnh thứ tư và khía cạnh thứ năm, mà cũng là các phương án của phương án thứ nhất theo khía cạnh thứ tư và phương án thứ nhất của khía cạnh thứ năm và cũng là phương án bất kỳ khác trong số các phương án trước của khía cạnh thứ tư và của khía cạnh thứ năm, biến thể giữ lại được ít nhất là 50% hoạt tính ban đầu của nó sau khi ủ trong thời gian 15 phút ở nhiệt độ 52°C trong dung dịch đệm chứa 1M sucroza, và hoạt tính ban đầu được xác định sau khi ủ trong thời gian 15 phút ở nhiệt độ trong phòng.

Theo phương án thứ 23 của khía cạnh thứ hai, mà cũng là phương án thứ 3 của khía cạnh thứ ba, phương án thứ ba của khía cạnh thứ tư, và phương án thứ ba của khía cạnh thứ năm, và phương án khác của khía cạnh thứ 15, hoặc là phương án bất kỳ trong số các phương án trước của thứ hai, thứ ba, thứ tư, thứ năm hoặc khía cạnh thứ 15, polypeptit, tốt hơn là trehaloza phosphorylaza, chứa

(i) trình tự axit amin như được xác định theo phương án bất kỳ trong số các phương án 1 đến 120 hoặc trong số các phương án bất kỳ khác của khía cạnh thứ nhất, tốt hơn là như được xác định theo phương án bất kỳ trong số các phương án 1 đến 98 của khía cạnh thứ nhất theo sáng chế,

và/hoặc

(ii) trình tự axit amin như được xác định theo phương án bất kỳ trong số các phương án của khía cạnh thứ 14 của sáng chế

và/hoặc

(iii) trình tự axit amin như được xác định theo phương án bất kỳ trong số các phương án của khía cạnh thứ 13 của sáng chế.

Cụ thể hơn, các vấn đề này và các vấn đề khác được giải quyết theo khía cạnh thứ 16, mà cũng là phương án thứ nhất của khía cạnh thứ 16, và mà cũng là một phương án được ưu tiên của tất cả các khía cạnh theo sáng chế và trong số tất cả các phương án của khía cạnh bất kỳ trong số tất cả các khía cạnh theo sáng chế, và cụ thể là theo phương án bất kỳ trong số các khía cạnh thứ nhất, thứ hai, thứ ba, thứ tư, thứ năm, thứ 13, thứ 14, và thứ 15 của sáng chế như được bộc lộ trong bản mô tả này, bằng polypeptit, tốt hơn là trehaloza phosphorylaza, trong đó polypeptit, tốt hơn là của trehaloza phosphorylaza, là đoạn có hoạt tính enzym của polypeptit, tốt hơn là của trehaloza phosphorylaza theo sáng chế, như được xác định theo khía cạnh bất kỳ hoặc theo phương án bất kỳ trong số các phương án được ưu tiên của một khía cạnh được bộc lộ trong bản mô tả này và/hoặc nêu trên.

Theo phương án được ưu tiên của khía cạnh thứ 16 này, mà cũng là một phương án trong số các phương án bất kỳ trước của khía cạnh thứ 16, trehaloza phosphorylaza là đoạn có hoạt tính enzym của polypeptit, tốt hơn là của trehaloza phosphorylaza theo sáng chế, với chiều dài gồm ít nhất 400 đến 750 axit amin, hoặc ít nhất 450 đến 750 axit amin, hoặc ít nhất là 500 đến 750 axit amin, hoặc ít nhất là 550 đến 750 axit amin, hoặc ít nhất là 600 đến 750 axit amin, hoặc ít nhất là 650 đến 750 axit amin, hoặc ít nhất là 700 đến 750 axit amin, hoặc ít nhất là 700 đến 730.

Theo phương án được ưu tiên của khía cạnh thứ 16 này, mà cũng là một phương án trong số các phương án bất kỳ trước của khía cạnh thứ 16, polypeptit là đoạn có hoạt tính enzym của polypeptit, tốt hơn là của trehaloza phosphorylaza theo sáng chế, trong đó trehaloza phosphorylaza

(i) bị cắt cụt ở đầu tận cùng N của nó bằng ít nhất là 1 đến 37 axit amin, bằng ít nhất là 1 đến 87 axit amin, bằng ít nhất là 1 đến 137 axit amin, bằng ít nhất là 1 đến 187 axit amin, bằng ít nhất là 1 đến 237 axit amin, bằng ít nhất là 1 đến 287 axit amin, bằng ít nhất là 1 đến 337 axit amin; và/hoặc

(ii) bị cắt cụt ở đầu tận cùng C của nó bằng ít nhất là 1 đến 37 axit amin, bằng ít nhất là 1 đến 87 axit amin, bằng ít nhất là 1 đến 137 axit amin, bằng ít nhất là 1 đến 187 axit amin, bằng ít nhất là 1 đến 237 axit amin, bằng ít nhất là 1 đến 287 axit amin, bằng ít nhất là 1 đến 337 axit amin; và/hoặc

(iii) bị cắt cụt ở một hoặc nhiều vị trí bên trong, trong đó từng một hoặc nhiều vị trí bên trong mang loại bỏ 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, hoặc ít nhất là 10 đến 15, ít nhất là 15 đến 20, ít nhất là 20 đến 25, ít nhất là 25 đến 30, ít nhất là 30 đến 35, ít nhất là 35 đến 40, ít nhất 40 đến 45, hoặc ít nhất 45 đến 50 axit amin

Theo phương án được ưu tiên của khía cạnh thứ 16 này, mà cũng là một phương án trong số các phương án bất kỳ trước của khía cạnh thứ 16, polypeptit, tốt hơn là trehaloza phosphorylaza theo sáng chế, là đoạn có hoạt tính enzym của polypeptit, tốt hơn là của trehaloza phosphorylaza theo sáng chế, mà giữ lại được hoạt tính trehaloza phosphorylaza, theo phương án bất kỳ trong số các phương án như được xác định trong bản mô tả này và/hoặc nêu trên.

Cụ thể hơn, các vấn đề này và các vấn đề khác được giải quyết theo khía cạnh thứ sáu, mà cũng là phương án thứ nhất của khía cạnh thứ sáu, theo phương pháp cho phản ứng

glucosyl monosacarit và alpha-D-glucoza-1 phosphat

trong đó phương pháp bao gồm bước cho phản ứng

glucosyl monosacarit và alpha-D-glucoza-1 phosphat

với trehaloza phosphorylaza như được xác định theo phương án bất kỳ của thứ nhất, thứ hai, thứ ba, thứ tư, thứ năm, thứ 13, thứ 14, thứ 15, và khía cạnh thứ 16 của sáng chế như được bộc lộ trong bản mô tả này.

Cụ thể hơn, các vấn đề này và các vấn đề khác được giải quyết theo khía cạnh thứ bảy, mà cũng là phương án thứ nhất của khía cạnh thứ bảy, theo phương pháp chuyển hóa glucoza và alpha-D-glucoza-1 phosphat thành trehaloza và phosphat vô cơ, trong đó phương pháp bao gồm bước cho phản ứng glucoza và alpha-D-glucoza-1 phosphat thành trehaloza và phosphat vô cơ với trehaloza phosphorylaza như được xác định theo phương án bất kỳ của khía cạnh thứ nhất, thứ hai, thứ ba, thứ tư, thứ năm, thứ 13, thứ 14, thứ 15, và thứ 16 theo sáng chế như được bộc lộ trong bản mô tả này.

Cụ thể hơn, các vấn đề này và các vấn đề khác được giải quyết theo khía cạnh thứ tám, mà cũng là phương án thứ nhất của khía cạnh thứ tám, theo phương pháp chuyển hóa trehaloza và phosphat vô cơ thành glucoza và alpha-D-glucoza-1 phosphat, và trong

đó phương pháp bao gồm bước cho trehaloza và phosphat vô cơ phản ứng với glucoza và alpha-D-glucoza-1 phosphat với trehaloza phosphorylaza như được xác định theo phương án bất kỳ của khía cạnh thứ nhất, thứ hai, thứ ba, thứ tư, thứ năm, thứ 13, thứ 14, thứ 15, và thứ 16 của sáng chế như được bộc lộ trong bản mô tả này.

Theo phương án thứ hai của khía cạnh thứ sáu và phương án thứ hai của khía cạnh thứ bảy và theo khía cạnh thứ hai của khía cạnh thứ tám, mà cũng là các phương án của phương án thứ nhất của khía cạnh thứ sáu và của phương án thứ nhất của khía cạnh thứ bảy và của phương án thứ nhất của khía cạnh thứ tám, phản ứng này là thuận nghịch.

Cụ thể hơn, các vấn đề này và các vấn đề khác được giải quyết theo khía cạnh thứ chín, mà cũng là phương án thứ nhất của khía cạnh thứ chín, theo phương pháp sản xuất trehaloza chứa cho phản ứng glucoza và alpha-D-glucoza-1 phosphat ở nhiệt độ thấp nhất là 40°C với sự có mặt của trehaloza phosphorylaza, trong đó trehaloza phosphorylaza

(i) giữ lại được ít nhất là 30% hoạt tính của nó sau khi ủ trong thời gian 15 phút ở nhiệt độ 52°C trong dung dịch đệm chứa 1M sucroza so với hoạt tính của nó không được xử lý bằng nhiệt, và/hoặc

(ii) giữ lại được ít nhất là 50% hoạt tính của nó sau khi ủ trong thời gian 15 phút ở nhiệt độ 52°C trong dung dịch đệm chứa 1M sucroza so với hoạt tính của nó không được xử lý bằng nhiệt, và/hoặc

(iii) có tỷ lệ giữa mức độ hoạt tính ở 100mM glucoza đến hoạt tính ở 500mM glucoza ít nhất là 0,65.

Theo phương án thứ hai của khía cạnh thứ chín mà cũng là một phương án trong số các phương án thứ nhất của khía cạnh thứ chín, phản ứng được thực hiện ở nhiệt độ nằm trong khoảng từ 40°C đến 55°C.

Theo phương án thứ ba của khía cạnh thứ chín mà cũng là một phương án trong số các phương án thứ nhất của khía cạnh thứ chín, phản ứng được thực hiện ở nhiệt độ nằm trong khoảng từ 45°C đến 55°C.

Theo phương án thứ tư của khía cạnh thứ chín mà cũng là một phương án trong số các phương án thứ nhất, thứ hai và thứ ba của khía cạnh thứ chín, trehaloza phosphorylaza là trehaloza phosphorylaza ổn nhiệt.

Theo phương án thứ năm của khía cạnh thứ chín mà cũng là một phương án trong số các phương án thứ nhất, thứ hai, thứ ba và thứ tư của khía cạnh thứ chín, trehaloza phosphorylaza là trehaloza phosphorylaza đột biến.

Theo phương án thứ sáu của khía cạnh thứ chín mà cũng là một phương án trong số các phương án thứ nhất, thứ hai, thứ ba, thứ tư và thứ năm của khía cạnh thứ chín, trehaloza phosphorylaza là trehaloza phosphorylaza tái tổ hợp.

Theo phương án thứ bảy của khía cạnh thứ chín mà cũng là một phương án trong số các phương án thứ nhất, thứ hai, thứ ba, thứ tư, thứ năm và thứ sáu của khía cạnh thứ chín, hoạt tính được xác định như được bộc lộ trong bản mô tả này và cụ thể hơn như được bộc lộ trong các khổ [0371] và [0372].

Theo phương án khác nữa của khía cạnh thứ sáu mà là một phương án trong số từng và mọi phương án của khía cạnh thứ sáu, theo phương án khác nữa của khía cạnh thứ bảy mà là một phương án trong số từng và mọi phương án của khía cạnh thứ bảy, theo phương án khác nữa của khía cạnh thứ tám mà là một phương án trong số từng và mọi phương án của khía cạnh thứ tám, và theo phương án khác nữa của khía cạnh thứ chín mà là một phương án trong số từng và mọi phương án của khía cạnh thứ chín, trong đó tác nhân làm ổn định duy nhất chứa trong phản ứng là sucroza.

Theo phương án khác nữa của khía cạnh thứ sáu mà là một phương án trong số từng và mọi phương án của khía cạnh thứ sáu, theo phương án khác nữa của khía cạnh thứ bảy mà là một phương án trong số từng và mọi phương án của khía cạnh thứ bảy, theo phương án khác nữa của khía cạnh thứ tám mà là một phương án trong số từng và mọi phương án của khía cạnh thứ tám, và theo phương án khác nữa của khía cạnh thứ chín mà là một phương án trong số từng và mọi phương án của khía cạnh thứ chín, trehaloza phosphorylaza có mặt ở dạng không được cố định.

Theo phương án khác nữa của khía cạnh thứ sáu mà là một phương án trong số từng và mọi phương án của khía cạnh thứ sáu, theo phương án khác nữa của khía cạnh thứ bảy mà là một phương án trong số từng và mọi phương án của khía cạnh thứ bảy, theo phương án khác nữa của khía cạnh thứ tám mà là một phương án trong số từng và mọi phương án của khía cạnh thứ tám, và theo phương án khác nữa của khía cạnh thứ chín mà là một phương án trong số từng và mọi phương án của khía cạnh thứ chín,

trehaloza phosphorylaza là trehaloza phosphorylaza như được xác định theo phương án bất kỳ của khía cạnh thứ nhất, thứ hai, thứ ba, thứ tư, thứ năm, thứ 13, thứ 14, thứ 15, và thứ 16, kể cả các phương án bất kỳ của chúng, như được bộc lộ trong bản mô tả này.

Cụ thể hơn, các vấn đề này và các vấn đề khác được giải quyết theo khía cạnh thứ mười, mà cũng là phương án thứ nhất của khía cạnh thứ mười, bằng cách sử dụng trehaloza phosphorylaza theo phương án bất kỳ của khía cạnh thứ nhất, thứ hai, thứ ba, thứ tư, thứ năm, thứ 13, thứ 14, thứ 15, và thứ 16 như được bộc lộ trong bản mô tả này để tạo ra trehaloza.

Cụ thể hơn, các vấn đề này và các vấn đề khác được giải quyết theo khía cạnh thứ mười một, mà cũng là phương án thứ nhất của khía cạnh thứ mười một, theo phương pháp làm gia tăng mức độ ổn định nhiệt của trehaloza phosphorylaza, trong đó phương pháp này bao gồm việc:

- căn thẳng trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ nhất với trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ hai,
- nhận diện một hoặc nhiều vị trí axit amin của trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ hai mà tương ứng với một hoặc nhiều vị trí axit amin của trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ nhất, trong đó việc thế gốc axit amin tại một hoặc nhiều vị trí axit amin của trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ nhất làm tăng mức độ ổn nhiệt của trehaloza phosphorylaza thứ nhất,
- thay thế gốc axit amin tại một hoặc nhiều vị trí axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ hai tương ứng với một hoặc nhiều vị trí axit amin của trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ nhất, trong đó thế gốc axit amin tại một hoặc nhiều vị trí axit amin của trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ nhất làm tăng mức độ ổn nhiệt của trehaloza phosphorylaza thứ nhất;

trong đó trehaloza phosphorylaza thứ nhất là trehaloza phosphorylaza có trình tự axit amin theo SEQ ID NO: 1 hoặc theo SEQ ID NO: 160, tốt hơn là theo SEQ ID NO: 1.

Theo phương án thứ hai của khía cạnh thứ mười một mà cũng là một phương án trong số các phương án thứ nhất của khía cạnh thứ mười một, phương pháp còn chứa

- thử nghiệm liệu gốc axit amin được thế tại một hoặc nhiều vị trí axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ hai tương ứng với một hoặc nhiều vị trí axit amin của trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ nhất, dẫn đến hay không mức độ ổn nhiệt cao hơn của trehaloza phosphorylaza thứ hai so với mức độ bền nhiệt của trehaloza phosphorylaza thứ nhất, tốt hơn là tính ổn định nhiệt được xác định như được xác định trong bản mô tả này.

Theo phương án thứ ba của khía cạnh thứ mười một mà cũng là một phương án của thứ nhất và thứ hai phương án của khía cạnh thứ mười một, gốc axit amin tại một hoặc nhiều vị trí axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ hai tương ứng với một hoặc nhiều vị trí axit amin của trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ nhất, được thế sao cho được thế gốc axit amin dẫn đến mức độ ổn nhiệt cao hơn của trehaloza phosphorylaza thứ hai.

Theo phương án thứ tư của khía cạnh thứ mười một mà cũng là một phương án trong số các phương án thứ nhất, thứ hai và thứ ba của khía cạnh thứ mười một, mức độ đồng nhất giữa trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ nhất và trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ hai ít nhất là 50%.

Theo phương án thứ năm của khía cạnh thứ mười một mà cũng là một phương án trong số các phương án thứ tư của khía cạnh thứ mười một, mức độ đồng nhất ít nhất là 51%, 52%, 53%, 54%, 55%, 56%, 57%, 58%, 59%, 60%, 61%, 62%, 63%, 64%, 65%, 66%, 67%, 68%, 69%, 70,%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79%, 80%, 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98% hoặc 99%, tốt hơn nếu mức độ đồng nhất ít nhất là 55%, 60%, 63%, 65%, 68%, 70%, 75%, 77% hoặc 80%.

Theo phương án thứ sáu của khía cạnh thứ mười một mà cũng là một phương án trong số các phương án thứ nhất, thứ hai và thứ ba của khía cạnh thứ mười một, mức độ đồng nhất giữa trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ nhất và trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ hai ít nhất là 50%.

Theo phương án thứ bảy của khía cạnh thứ mười một mà cũng là một phương án trong số các phương án thứ sáu của khía cạnh thứ mười một, mức độ đồng nhất ít nhất là 51%, 52%, 53%, 54%, 55%, 56%, 57%, 58%, 59%, 60%, 61%, 62%, 63%, 64%, 65%, 66%, 67%, 68%, 69%, 70,%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79%, 80%, 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98% hoặc 99%, tốt hơn nếu mức độ đồng nhất ít nhất là 55%, 60%, 63%, 65%, 68%, 70%, 75%, 77% hoặc 80%, và tốt hơn nữa nếu mức độ đồng nhất ít nhất là 68%, 73%, 75%, 76%, 77% hoặc 78%.

Theo phương án thứ tám của khía cạnh thứ mười một mà cũng là một phương án trong số các phương án thứ nhất, thứ hai, thứ ba, thứ tư, thứ năm, thứ sáu và thứ bảy của khía cạnh thứ mười một, một hoặc nhiều vị trí axit amin của trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ nhất

(A) được chọn từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin 712, 383, 10, 114, 118, 192, 197, 220, 225, 304, 306, 318, 323, 339, 349, 357, 459, 476, 481, 484, 487, 488, 506, 511, 526, 530, 532, 533, 537, 550, 556, 564, 590, 649, 667, 703 và 705 của SEQ ID NO: 1, tốt hơn là từng một hoặc nhiều vị trí axit amin của trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ nhất là được chọn riêng rẽ từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin 712, 383, 10, 114, 118, 192, 197, 220, 225, 304, 306, 318, 323, 339, 349, 357, 459, 476, 481, 484, 487, 488, 506, 511, 526, 530, 532, 533, 537, 550, 556, 564, 590, 649, 667, 703 và 705 của SEQ ID NO: 1, tốt hơn được chọn từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin 712, 383, 114, 118, 225, 304, 323, 349, 357, 487, 550, 556, 564, 590 và 649 tốt hơn nữa được chọn từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin 712, 383, 114, 118, 225, 304, 323, 349, 487, 550, 556, 564, 590, và 649 SEQ ID NO: 1, còn tốt hơn nữa được chọn từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin của 383, 114, 118, 225, 304, 323, 487, 550, 556, và 564 SEQ ID NO: 1, và còn tốt hơn nữa được chọn từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin 383, 114, 225, 323, 487, 556, và 564 của SEQ ID NO: 1, hoặc

(B) được chọn từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin 108, 112, 221, 300, 319, 345, 379, 483, 544, 550, 558, 584, 643, và 707 của SEQ ID NO:81 hoặc SEQ ID NO: 160, tốt hơn là của SEQ ID NO: 160, tốt hơn là một hoặc nhiều vị trí axit amin của trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ nhất là từng được chọn riêng rẽ từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin 108, 112, 221, 300, 319, 345, 379, 483, 544, 550, 558, 584, 643, và

707 của SEQ ID NO:81 hoặc SEQ ID NO: 160, tốt hơn là của SEQ ID NO: 160, tốt hơn được chọn từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin 108, 112, 221, 300, 319, 379, 483, 544, 550, và 558 của SEQ ID NO:81 hoặc SEQ ID NO: 160, tốt hơn là của SEQ ID NO: 160, tốt hơn nữa được chọn từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin 108, 221, 319, 379, 483, 550, và 558 của SEQ ID NO:81 hoặc SEQ ID NO: 160, tốt hơn là SEQ ID NO: 160.

Theo phương án thứ chín của khía cạnh thứ mười một mà cũng là một phương án trong số phương án thứ tám của khía cạnh thứ mười một, một hoặc nhiều vị trí axit amin của trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ nhất

(A) được chọn từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin L712, P383, V10, L114, I118, S192, S197, Y220, N225, A304, D306, P318, T323, L339, F349, G357, A459, Q476, E481, A484, Q487, K488, A506, A511, R526, E530, G532, D533, D537, V550, S556, T564, D590, A649, R667, A703 và K705 của SEQ ID NO: 1, tốt hơn là một hoặc nhiều vị trí axit amin của trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ nhất là từng được chọn riêng rẽ từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin L712, P383, V10, L114, I118, S192, S197, Y220, N225, A304, D306, P318, T323, L339, F349, G357, A459, Q476, E481, A484, Q487, K488, A506, A511, R526, E530, G532, D533, D537, V550, S556, T564, D590, A649, R667, A703 và K705 của SEQ ID NO: 1, tốt hơn được chọn từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin L712, P383, L114, I118, N225, A304, T323, F349, Q487, V550, S556, T564, D590, và A649 SEQ ID NO: 1, tốt hơn nữa được chọn từ nhóm bao gồm P383, L114, I118, N225, A304, T323, Q487, V550, S556, và T564 của SEQ ID NO: 1, và còn tốt hơn nữa được chọn từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin P383, L114, N225, A323, Q487, S556, và T564 của SEQ ID NO: 1, hoặc

(B) được chọn từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin L108, V112, N221, A300, T319, F345, P379, V483, V544, S550, Q558, N584, A643, và L707 của SEQ ID NO: 160, tốt hơn là một hoặc nhiều vị trí axit amin của trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ nhất là từng được chọn riêng rẽ từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin L108, V112, N221, A300, T319, F345, P379, V483, V544, S550, Q558, N584, A643, và L707 của SEQ ID NO: 160, tốt hơn được chọn từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin L108, V112, N221, A300, T319, P379, V483, V544, S550, và Q558 của SEQ ID NO: 160, tốt hơn nữa được chọn từ nhóm bao gồm L108, V221, T319, P379, V483, S550, và Q558 của SEQ ID NO: 160.

(C) được chọn từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin L108, V112, N221, A300, T319, F345, P379, I483, V544, S550, Q558, N584, A643, và L707 của SEQ ID NO: 81, tốt hơn là một hoặc nhiều vị trí axit amin của trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ nhất là từng được chọn riêng rẽ từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin L108, V112, N221, A300, T319, F345, P379, I483, V544, S550, Q558, N584, A643, và L707 của SEQ ID NO: 81, tốt hơn được chọn từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin L108, V112, N221, A300, T319, P379, I483, V544, S550, và Q558 của SEQ ID NO: 81, tốt hơn nữa được chọn từ nhóm bao gồm L108, V221, T319, P379, I483, S550, và Q558 của SEQ ID NO: 81.

Theo phương án thứ mười của khía cạnh thứ mười một mà cũng là một phương án của thứ nhất, thứ hai, thứ ba, thứ tư, thứ năm, thứ sáu, thứ bảy, thứ tám và thứ chín phương án của khía cạnh thứ mười một, gốc axit amin được thế là

(A) đối với SEQ ID NO: 1:

A, G, I, M, P, V, tốt hơn là M cho vị trí axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ hai tương ứng với vị trí axit amin 712 của SEQ ID NO:1 của trehaloza phosphorylaza thứ nhất;

A, G, I, L, M, V, N, C, Q, S, T, tốt hơn là A, G, M, V, N, C, Q, S, T, tốt hơn nữa G, V, S hoặc T, còn tốt hơn nữa V hoặc T, và tốt nhất là V, cho vị trí axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ hai tương ứng với vị trí axit amin 383 của SEQ ID NO: 1 của trehaloza phosphorylaza thứ nhất;

R, H hoặc K, tốt hơn là R cho vị trí axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ hai tương ứng với vị trí axit amin 10 của SEQ ID NO: 1 của trehaloza phosphorylaza thứ nhất;

A, G, I, M, P, V, tốt hơn là I cho vị trí axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ hai tương ứng với vị trí axit amin 114 của SEQ ID NO: 1 của trehaloza phosphorylaza thứ nhất;

A, G, I, L, M, P, V, tốt hơn là V cho vị trí axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ hai tương ứng với vị trí axit amin 118 của SEQ ID NO: 1 của trehaloza phosphorylaza thứ nhất;

A, G, I, L, M, P, V, tốt hơn là V cho vị trí axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ hai tương ứng với vị trí axit amin 192 của SEQ ID NO: 1 của trehaloza phosphorylaza thứ nhất;

A, G, I, L, M, P, V, tốt hơn là G cho vị trí axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ hai tương ứng với vị trí axit amin 197 của SEQ ID NO: 1 của trehaloza phosphorylaza thứ nhất;

F, W, tốt hơn là F cho vị trí axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ hai tương ứng với vị trí axit amin 220 của SEQ ID NO: 1 của trehaloza phosphorylaza thứ nhất;

A, G, I, L, M, P, V, tốt hơn là I, L, M hoặc V, và tốt nhất là V cho vị trí axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ hai tương ứng với vị trí axit amin 225 của SEQ ID NO: 1 của trehaloza phosphorylaza thứ nhất;

G, I, L, M, P, V, tốt hơn là I hoặc L, và tốt hơn nữa I cho vị trí axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ hai tương ứng với vị trí axit amin 304 của SEQ ID NO: 1 của trehaloza phosphorylaza thứ nhất;

R, H, K, tốt hơn là H cho vị trí axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ hai tương ứng với vị trí axit amin 306 của SEQ ID NO: 1 của trehaloza phosphorylaza thứ nhất;

R, H, K, tốt hơn là H cho vị trí axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ hai tương ứng với vị trí axit amin 318 của SEQ ID NO: 1 của trehaloza phosphorylaza thứ nhất;

A, G, I, L, M, P, V, tốt hơn là I hoặc V, tốt hơn nữa I cho vị trí axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ hai tương ứng với vị trí axit amin 323 của SEQ ID NO: 1 của trehaloza phosphorylaza thứ nhất;

A, G, I, L, M, P, V, tốt hơn là I cho vị trí axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ hai tương ứng với vị trí axit amin 339 của SEQ ID NO: 1 của trehaloza phosphorylaza thứ nhất;

W hoặc Y, tốt hơn là Y cho vị trí axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ hai tương ứng với vị trí axit amin 349 của SEQ ID NO: 1 của trehaloza phosphorylaza thứ nhất;

A, I, L, M, P, V, tốt hơn là A cho vị trí axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ hai tương ứng với vị trí axit amin 357 của SEQ ID NO: 1 của trehaloza phosphorylaza thứ nhất;

N, C, Q, S, T, tốt hơn là S cho vị trí axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ hai tương ứng với vị trí axit amin 459 của SEQ ID NO: 1 của trehaloza phosphorylaza thứ nhất;

A, G, I, L, M, P, V, tốt hơn là G cho vị trí axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ hai tương ứng với vị trí axit amin 476 của SEQ ID NO: 1 của trehaloza phosphorylaza thứ nhất;

A, G, I, L, M, P, V, tốt hơn là I cho vị trí axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ hai tương ứng với vị trí axit amin 481 của SEQ ID NO: 1 của trehaloza phosphorylaza thứ nhất;

N, C, Q, S, T, tốt hơn là S cho vị trí axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ hai tương ứng với vị trí axit amin 484 của SEQ ID NO: 1 của trehaloza phosphorylaza thứ nhất;

A, G, I, L, M, P, V, tốt hơn là A, M, G, V hoặc L, tốt hơn nữa A, cho vị trí axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ hai tương ứng với vị trí axit amin 487 của SEQ ID NO: 1 của trehaloza phosphorylaza thứ nhất;

A, G, I, L, M, P, V, tốt hơn là A cho vị trí axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ hai tương ứng với vị trí axit amin 488 của SEQ ID NO: 1 của trehaloza phosphorylaza thứ nhất;

N, C, Q, S, T, tốt hơn là S cho vị trí axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ hai tương ứng với vị trí axit amin 506 của SEQ ID NO: 1 của trehaloza phosphorylaza thứ nhất;

N, C, Q, S, T, tốt hơn là S cho vị trí axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ hai tương ứng với vị trí axit amin 511 của SEQ ID NO: 1 của trehaloza phosphorylaza thứ nhất;

D hoặc E, tốt hơn là E cho vị trí axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ hai tương ứng với vị trí axit amin 526 của SEQ ID NO: 1 của trehaloza phosphorylaza thứ nhất;

A, G, I, L, M, P, V, tốt hơn là V cho vị trí axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ hai tương ứng với vị trí axit amin 530 của SEQ ID NO: 1 của trehaloza phosphorylaza thứ nhất;

R, H, K, tốt hơn là R cho vị trí axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ hai tương ứng với vị trí axit amin 532 của SEQ ID NO: 1 của trehaloza phosphorylaza thứ nhất;

A, G, I, L, M, P, V, tốt hơn là G cho vị trí axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ hai tương ứng với vị trí axit amin 533 của SEQ ID NO: 1 của trehaloza phosphorylaza thứ nhất;

A, G, I, L, M, P, V, tốt hơn là M cho vị trí axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ hai tương ứng với vị trí axit amin 537 của SEQ ID NO: 1 của trehaloza phosphorylaza thứ nhất;

A, G, I, L, M, P, tốt hơn là I hoặc P, tốt hơn nữa I cho vị trí axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ hai tương ứng với vị trí axit amin 550 của SEQ ID NO: 1 của trehaloza phosphorylaza thứ nhất;

N, C, Q, T, tốt hơn là T cho vị trí axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ hai tương ứng với vị trí axit amin 556 của SEQ ID NO: 1 của trehaloza phosphorylaza thứ nhất;

D, E, tốt hơn là E cho vị trí axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ hai tương ứng với vị trí axit amin 564 của SEQ ID NO: 1 của trehaloza phosphorylaza thứ nhất;

N, C, Q, S, T, A, G, I, L, M, P, V, tốt hơn là N hoặc A, tốt hơn nữa N, cho vị trí axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ hai tương ứng với vị trí axit amin 590 của SEQ ID NO: 1 của trehaloza phosphorylaza thứ nhất;

D, E, tốt hơn là E cho vị trí axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ hai tương ứng với vị trí axit amin 649 của SEQ ID NO: 1 của trehaloza phosphorylaza thứ nhất;

D, E, R, H, K, tốt hơn là E hoặc K, tốt hơn nữa E, cho vị trí axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ hai tương ứng với vị trí axit amin 667 của SEQ ID NO: 1 của trehaloza phosphorylaza thứ nhất;

D, E, tốt hơn là E cho vị trí axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ hai tương ứng với vị trí axit amin 703 của SEQ ID NO: 1 của trehaloza phosphorylaza thứ nhất; và

N, C, Q, S, T, tốt hơn là N cho vị trí axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ hai tương ứng với vị trí axit amin 705 của SEQ ID NO: 1 của trehaloza phosphorylaza thứ nhất; hoặc

(B) đối với SEQ ID NO: 81 và SEQ ID NO: 160:
thay thế axit amin ở vị trí L108 của SEQ ID NO: 81 hoặc SEQ ID NO: 160, tốt hơn là SEQ ID NO: 160 với thay thế là L108A, L108G, L108I, L108M, L108P hoặc L108V, tốt hơn là L108I;

thay thế axit amin ở vị trí V112 của SEQ ID NO: 81 hoặc SEQ ID NO: 160, tốt hơn là SEQ ID NO: 160 với thay thế là V112A, V112G, V112L, V112M, V112P hoặc V112I, tốt hơn là V112I;

thay thế axit amin ở vị trí N221 của SEQ ID NO: 81 hoặc SEQ ID NO: 160, tốt hơn là SEQ ID NO: 160 với thay thế là N221A, N221G, N221I, N221L, N221M, N221P hoặc N221V, tốt hơn là N221I, N221L, N221M hoặc N221V, và tốt hơn nữa N221V;

thay thế axit amin ở vị trí A300 của SEQ ID NO: 81 hoặc SEQ ID NO: 160, tốt hơn là SEQ ID NO: 160 với thay thế là A300G, A300I, A300L, A300M, A300P hoặc A300V, tốt hơn là A300I hoặc A300L, và tốt hơn nữa A300I;

thay thế axit amin ở vị trí T319 của SEQ ID NO: 81 hoặc SEQ ID NO: 160, tốt hơn là SEQ ID NO: 160 với thay thế là T319A, T319G, T319I, T319L, T319M, T319P, hoặc T319V, tốt hơn là T319I hoặc T319V, và tốt hơn nữa T319I;

thay thế axit amin ở vị trí P379 của SEQ ID NO: 81 hoặc SEQ ID NO: 160, tốt hơn là SEQ ID NO: 160 với thay thế là P379A, P379G, P379I, P379L, P379M, P379V, P379N, P379C, P379Q, P379S hoặc P379T, tốt hơn là P379A, P379G, P379M, P379V, P379N, P379C, P379Q, P379S hoặc P379T, tốt hơn nữa P379G, P379V, P379C hoặc P379S, hoặc P379T, còn tốt hơn nữa P379V hoặc P379T, và tốt nhất là P379V;

thay thế axit amin ở vị trí I483 của SEQ ID NO: 81 với thay thế là I483A, I483G, I483I, I483L, I483M, I483P hoặc I483V, tốt hơn là I483A, I483G, I483L, I483M hoặc I483V, tốt hơn nữa I483A;

thay thế axit amin ở vị trí Q483 của SEQ ID NO: 160 với thay thế là Q483A, Q483G, Q483I, Q483L, Q483M, Q483P hoặc Q483V, tốt hơn là Q483A, Q483G, Q483L, Q483M hoặc Q483V, tốt hơn nữa Q483A;

thay thế axit amin ở vị trí V544 của SEQ ID NO: 81 hoặc SEQ ID NO: 160, tốt hơn là SEQ ID NO: 160 với thay thế là V544A, V544G, V544I, V544L, V544M hoặc V544P, tốt hơn là V544I hoặc V544P, và tốt hơn nữa V544I;

thay thế axit amin ở vị trí S550 của SEQ ID NO: 81 hoặc SEQ ID NO: 160, tốt hơn là SEQ ID NO: 160 với thay thế là S550N, S550C, S550Q hoặc S550T, tốt hơn là S550T;

thay thế axit amin ở vị trí Q558 của SEQ ID NO: 81 hoặc SEQ ID NO: 160, tốt hơn là SEQ ID NO: 160 với thay thế là Q558D hoặc Q558E, tốt hơn là Q558E;

thay thế axit amin ở vị trí D558 của SEQ ID NO: 81 hoặc SEQ ID NO: 160, tốt hơn là SEQ ID NO: 160 với thay thế là D558N, D558C, D558Q, D558S, D558T, D558A, D558G, D558I, D558L, D558M, D558P hoặc D558V, tốt hơn là D558N, D558G hoặc D558A, và tốt hơn nữa D558N;

thay thế axit amin ở vị trí A643 của SEQ ID NO: 81 hoặc SEQ ID NO: 160, tốt hơn là SEQ ID NO: 160 với thay thế là A643D hoặc A643E, tốt hơn là A643E;

thay thế axit amin ở vị trí L707 của SEQ ID NO: 81 hoặc SEQ ID NO: 160, tốt hơn là SEQ ID NO: 160 với thay thế là L707A, L707G, L707I, L707M, L707P hoặc L707V, tốt hơn là L707M.

Theo phương án thứ mười một của khía cạnh thứ mười một mà cũng là một phương án trong số các phương án thứ nhất, thứ hai, thứ ba, thứ tư, thứ năm, thứ sáu, thứ bảy, thứ tám, thứ chín và thứ mười của khía cạnh thứ mười một, nếu gốc axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ hai tương ứng với một hoặc nhiều vị trí axit amin của trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ nhất, là giống như gốc axit amin đã được thế của trehaloza phosphorylaza thứ nhất, gốc axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ hai không được thế.

Theo phương án thứ mười hai của khía cạnh thứ mười một mà cũng là một phương án trong số các phương án thứ nhất, thứ hai, thứ ba, thứ tư, thứ năm, thứ sáu, thứ bảy, thứ tám, thứ chín, thứ mười và thứ mười một của khía cạnh thứ mười một, tính ổn định nhiệt được biểu hiện theo trị số *Tm30* hoặc trị số *Tm50* như được xác định theo bản mô tả này và cụ thể hơn như được bộc lộ trong các khổ [0367] và [0368].

Cụ thể hơn, các vấn đề này và các vấn đề khác được giải quyết theo khía cạnh thứ mười hai, mà cũng là phương án thứ nhất của khía cạnh thứ mười hai, theo phương pháp làm gia tăng mức độ hoạt tính tương đối của trehaloza phosphorylaza được thể hiện ở dạng tỷ lệ 100/500, trong đó phương pháp bao gồm các việc:

- căn thẳng trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ nhất với trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ hai,
- nhận diện một hoặc nhiều vị trí axit amin của trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ hai mà tương ứng với một hoặc nhiều vị trí axit amin của trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ nhất, trong đó thế gốc axit amin tại một hoặc nhiều vị trí axit amin của trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ nhất gia tăng tỷ lệ 100/500 của trehaloza phosphorylaza thứ nhất,
- thay thế gốc axit amin tại một hoặc nhiều vị trí axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ hai tương ứng với một hoặc nhiều vị trí axit amin của trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ nhất, trong đó thế gốc axit amin tại một hoặc nhiều vị trí axit amin của trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ nhất gia tăng tỷ lệ 100/500 hoạt tính của trehaloza phosphorylaza thứ nhất;

trong đó trehaloza phosphorylaza thứ nhất là trehaloza phosphorylaza có trình tự axit amin theo SEQ ID NO: 1.

Theo phương án thứ hai của khía cạnh thứ mười hai mà cũng là một phương án trong số các phương án thứ nhất của khía cạnh thứ mười hai, phương pháp bao gồm việc

- thử nghiệm liệu gốc axit amin được thế tại một hoặc nhiều vị trí axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ hai tương ứng với một hoặc nhiều vị trí axit amin của trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ nhất, khiến làm tăng hoạt tính của trehaloza phosphorylaza thứ hai so với hoạt tính của trehaloza phosphorylaza thứ nhất hay không.

Theo phương án thứ ba của khía cạnh thứ mười hai mà cũng là một phương án trong số các phương án thứ nhất và thứ hai của khía cạnh thứ mười hai, gốc axit amin tại một hoặc nhiều vị trí axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ hai tương ứng với một hoặc nhiều vị trí axit amin của trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ nhất, được thế sao cho gốc axit amin được thế khiến làm tăng hoạt tính của trehaloza phosphorylaza thứ hai.

Theo phương án thứ tư của khía cạnh thứ mười hai mà cũng là một phương án trong số các phương án thứ nhất, thứ hai và thứ ba của khía cạnh thứ mười hai, mức độ đồng nhất giữa trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ nhất và trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ hai ít nhất là 50%.

Theo phương án thứ năm của khía cạnh thứ mười hai mà cũng là một phương án trong số các phương án thứ tư của khía cạnh thứ mười hai, mức độ tương đồng ít nhất là 55%, 56%, 57%, 58%, 59%, 60%, 61%, 62%, 63%, 64%, 65%, 66%, 67%, 68%, 69%, 70%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79%, 80%, 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98% hoặc 99%, tốt hơn nếu mức độ đồng nhất ít nhất là 55%, 60%, 65%, 70%, 75% hoặc 80%.

Theo phương án thứ sáu của khía cạnh thứ mười hai mà cũng là một phương án trong số các phương án thứ nhất, thứ hai và thứ ba của khía cạnh thứ mười hai, mức độ

đồng nhất giữa trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ nhất và trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ hai ít nhất là 50%.

Theo phương án thứ bảy của khía cạnh thứ mười hai mà cũng là một phương án trong số các phương án thứ sáu của khía cạnh thứ mười hai, mức độ đồng nhất ít nhất là 55%, 56%, 57%, 58%, 59%, 60%, 61%, 62%, 63%, 64%, 65%, 66%, 67%, 68%, 69%, 70,%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79%, 80%, 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98% hoặc 99%, tốt hơn nếu mức độ đồng nhất ít nhất là 55%, 60%, 65%, 70%, 75% hoặc 80%, và tốt hơn nữa nếu mức độ đồng nhất ít nhất là 73%, 75%, 76%, hoặc 78%.

Theo phương án thứ tám của khía cạnh thứ mười hai mà cũng là một phương án trong số các phương án thứ nhất, thứ hai, thứ ba, thứ tư, thứ năm, thứ sáu và thứ bảy của khía cạnh thứ mười hai, một hoặc nhiều vị trí axit amin của trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ nhất được chọn từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin 712, 383, 10, 114, 118, 192, 197, 220, 225, 304, 306, 318, 323, 339, 349, 357, 459, 476, 481, 484, 487, 488, 506, 511, 526, 530, 532, 533, 537, 550, 556, 564, 590, 649, 667, 703 và 705 của SEQ ID NO: 1, tốt hơn là một hoặc nhiều vị trí axit amin của trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ nhất được chọn riêng rẽ từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin 712, 383, 10, 114, 118, 192, 197, 220, 225, 304, 306, 318, 323, 339, 349, 357, 459, 476, 481, 484, 487, 488, 506, 511, 526, 530, 532, 533, 537, 550, 556, 564, 590, 649, 667, 703 và 705 của SEQ ID NO: 1, và còn ưu tiên hơn nữa là một hoặc nhiều vị trí axit amin của trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ nhất được chọn riêng rẽ từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin 712, 383, 114, 118, 225, 304, 323, 349, 357, 487, 550, 556, 564, 590 và 649 của SEQ ID NO: 1.

Theo phương án thứ chín của khía cạnh thứ mười hai mà cũng là một phương án trong số các phương án thứ tám của khía cạnh thứ mười hai, một hoặc nhiều vị trí axit amin của trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ nhất được chọn từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin L712, P383, V10, L114, I118, S192, S197, Y220, N225, A304, D306, P318, T323, L339, F349, G357, A459, Q476, E481, A484, Q487, K488, A506, A511, R526, E530, G532, D533, D537, V550, S556, T564, D590, A649, R667, A703 và K705 của SEQ ID NO: 1, tốt hơn là một hoặc nhiều vị trí axit amin của trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ nhất được chọn riêng rẽ từ nhóm bao gồm các vị trí axit

amin L712, P383, V10, L114, I118, S192, S197, Y220, N225, A304, D306, P318, T323, L339, F349, G357, A459, Q476, E481, A484, Q487, K488, A506, A511, R526, E530, G532, D533, D537, V550, S556, T564, D590, A649, R667, A703 và K705 của SEQ ID NO: 1.

Theo phương án thứ mười của khía cạnh thứ mười hai mà cũng là một phương án trong số các phương án thứ nhất, thứ hai, thứ ba, thứ tư, thứ năm, thứ sáu, thứ bảy, thứ tám và thứ chín của khía cạnh thứ mười hai, gốc axit amin được thế là

A, G, I, M, P, V, tốt hơn là M cho vị trí axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ hai tương ứng với vị trí axit amin 712 của SEQ ID NO:1 của trehaloza phosphorylaza thứ nhất;

A, G, I, L, M, V, N, C, Q, S, T, tốt hơn là A, G, M, V, N, C, Q, S hoặc T, tốt hơn nữa G, V, C, S hoặc T, còn tốt hơn nữa V hoặc T, và tốt nhất là V, cho vị trí axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ hai tương ứng với vị trí axit amin 383 của SEQ ID NO: 1 của trehaloza phosphorylaza thứ nhất;

R, H hoặc K, tốt hơn là R cho vị trí axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ hai tương ứng với vị trí axit amin 10 của SEQ ID NO: 1 của trehaloza phosphorylaza thứ nhất;

A, G, I, M, P, V, tốt hơn là I cho vị trí axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ hai tương ứng với vị trí axit amin 114 của SEQ ID NO: 1 của trehaloza phosphorylaza thứ nhất;

A, G, I, L, M, P, V, tốt hơn là V cho vị trí axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ hai tương ứng với vị trí axit amin 118 của SEQ ID NO: 1 của trehaloza phosphorylaza thứ nhất;

A, G, I, L, M, P, V, tốt hơn là V cho vị trí axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ hai tương ứng với vị trí axit amin 192 của SEQ ID NO: 1 của trehaloza phosphorylaza thứ nhất;

A, G, I, L, M, P, V, tốt hơn là G cho vị trí axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ hai tương ứng với vị trí axit amin 197 của SEQ ID NO: 1 của trehaloza phosphorylaza thứ nhất;

F, W, tốt hơn là F cho vị trí axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ hai tương ứng với vị trí axit amin 220 của SEQ ID NO: 1 của trehaloza phosphorylaza thứ nhất;

A, G, I, L, M, P, V, tốt hơn là, I, L, M hoặc V, và tốt hơn nữa V cho vị trí axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ hai tương ứng với vị trí axit amin 225 của SEQ ID NO: 1 của trehaloza phosphorylaza thứ nhất;

G, I, L, M, P, V, tốt hơn là I hoặc L, và tốt hơn nữa I cho vị trí axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ hai tương ứng với vị trí axit amin 304 của SEQ ID NO: 1 của trehaloza phosphorylaza thứ nhất;

R, H, K, tốt hơn là H cho vị trí axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ hai tương ứng với vị trí axit amin 306 của SEQ ID NO: 1 của trehaloza phosphorylaza thứ nhất;

R, H, K, tốt hơn là H cho vị trí axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ hai tương ứng với vị trí axit amin 318 của SEQ ID NO: 1 của trehaloza phosphorylaza thứ nhất;

A, G, I, L, M, P, V, tốt hơn là I hoặc V, và tốt hơn nữa I cho vị trí axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ hai tương ứng với vị trí axit amin 323 của SEQ ID NO: 1 của trehaloza phosphorylaza thứ nhất;

A, G, I, L, M, P, V, tốt hơn là I cho vị trí axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ hai tương ứng với vị trí axit amin 339 của SEQ ID NO: 1 của trehaloza phosphorylaza thứ nhất;

W hoặc Y, tốt hơn là Y cho vị trí axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ hai tương ứng với vị trí axit amin 349 của SEQ ID NO: 1 của trehaloza phosphorylaza thứ nhất;

A, I, L, M, P, V, tốt hơn là A cho vị trí axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ hai tương ứng với vị trí axit amin 357 của SEQ ID NO: 1 của trehaloza phosphorylaza thứ nhất;

N, C, Q, S, T, tốt hơn là S cho vị trí axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ hai tương ứng với vị trí axit amin 459 của SEQ ID NO: 1 của trehaloza phosphorylaza thứ nhất;

A, G, I, L, M, P, V, tốt hơn là G cho vị trí axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ hai tương ứng với vị trí axit amin 476 của SEQ ID NO: 1 của trehaloza phosphorylaza thứ nhất;

A, G, I, L, M, P, V, tốt hơn là I cho vị trí axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ hai tương ứng với vị trí axit amin 481 của SEQ ID NO: 1 của trehaloza phosphorylaza thứ nhất;

N, C, Q, S, T, tốt hơn là S cho vị trí axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ hai tương ứng với vị trí axit amin 484 của SEQ ID NO: 1 của trehaloza phosphorylaza thứ nhất;

A, G, I, L, M, P, V, tốt hơn là A, G, V hoặc L, tốt hơn nữa A, cho vị trí axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ hai tương ứng với vị trí axit amin 487 của SEQ ID NO: 1 của trehaloza phosphorylaza thứ nhất;

A, G, I, L, M, P, V, tốt hơn là A cho vị trí axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ hai tương ứng với vị trí axit amin 488 của SEQ ID NO: 1 của trehaloza phosphorylaza thứ nhất;

N, C, Q, S, T, tốt hơn là S cho vị trí axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ hai tương ứng với vị trí axit amin 506 của SEQ ID NO: 1 của trehaloza phosphorylaza thứ nhất;

N, C, Q, S, T, tốt hơn là S cho vị trí axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ hai tương ứng với vị trí axit amin 511 của SEQ ID NO: 1 của trehaloza phosphorylaza thứ nhất;

D hoặc E, tốt hơn là E cho vị trí axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ hai tương ứng với vị trí axit amin 526 của SEQ ID NO: 1 của trehaloza phosphorylaza thứ nhất;

A, G, I, L, M, P, V, tốt hơn là V cho vị trí axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ hai tương ứng với vị trí axit amin 530 của SEQ ID NO: 1 của trehaloza phosphorylaza thứ nhất;

R, H, K, tốt hơn là R cho vị trí axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ hai tương ứng với vị trí axit amin 532 của SEQ ID NO: 1 của trehaloza phosphorylaza thứ nhất;

A, G, I, L, M, P, V, tốt hơn là G cho vị trí axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ hai tương ứng với vị trí axit amin 533 của SEQ ID NO: 1 của trehaloza phosphorylaza thứ nhất;

A, G, I, L, M, P, V, tốt hơn là M cho vị trí axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ hai tương ứng với vị trí axit amin 537 của SEQ ID NO: 1 của trehaloza phosphorylaza thứ nhất;

A, G, I, L, M, P, tốt hơn là I hoặc P, và tốt hơn nữa I cho vị trí axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ hai tương ứng với vị trí axit amin 550 của SEQ ID NO: 1 của trehaloza phosphorylaza thứ nhất;

N, C, Q, T, tốt hơn là T cho vị trí axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ hai tương ứng với vị trí axit amin 556 của SEQ ID NO: 1 của trehaloza phosphorylaza thứ nhất;

D, E, tốt hơn là E cho vị trí axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ hai tương ứng với vị trí axit amin 564 của SEQ ID NO: 1 của trehaloza phosphorylaza thứ nhất;

N, C, Q, S, T, A, G, I, L, M, P, V, tốt hơn là N, G hoặc A, và tốt hơn nữa N, cho vị trí axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ hai tương ứng với vị trí axit amin 590 của SEQ ID NO: 1 của trehaloza phosphorylaza thứ nhất;

D, E, tốt hơn là E cho vị trí axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ hai tương ứng với vị trí axit amin 649 của SEQ ID NO: 1 của trehaloza phosphorylaza thứ nhất;

D, E, R, H, K, tốt hơn là E hoặc K, tốt hơn nữa E, cho vị trí axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ hai tương ứng với vị trí axit amin 667 của SEQ ID NO: 1 của trehaloza phosphorylaza thứ nhất;

D, E, tốt hơn là E cho vị trí axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ hai tương ứng với vị trí axit amin 703 của SEQ ID NO: 1 của trehaloza phosphorylaza thứ nhất; và

N, C, Q, S, T, tốt hơn là N cho vị trí axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ hai tương ứng với vị trí axit amin 705 của SEQ ID NO: 1 của trehaloza phosphorylaza thứ nhất.

Theo phương án thứ mười một của khía cạnh thứ mười hai mà cũng là một phương án trong số các phương án thứ nhất, thứ hai, thứ ba, thứ tư, thứ năm, thứ sáu, thứ bảy, thứ tám, thứ chín và thứ mười của khía cạnh thứ mười hai, nếu gốc axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ hai tương ứng với một hoặc nhiều vị trí axit amin của trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ nhất, là giống như gốc axit amin đã được thế của trehaloza phosphorylaza thứ nhất, gốc axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ hai không được thế.

Theo phương án thứ mười hai của khía cạnh thứ mười hai mà cũng là một phương án trong số các phương án thứ nhất, thứ hai, thứ ba, thứ tư, thứ năm, thứ sáu, thứ bảy, thứ tám, thứ chín, thứ mười và thứ mười một của khía cạnh thứ mười hai, hoạt tính của trehaloza phosphorylaza là hoạt tính phân giải phospho và hoạt tính tổng hợp như được xác định trong bản mô tả này.

Cụ thể hơn, các vấn đề này và các vấn đề khác được giải quyết theo khía cạnh thứ 13, mà cũng là phương án thứ nhất của khía cạnh thứ 13, bằng polypeptit có hoạt tính trehaloza phosphorylaza, trong đó polypeptit chứa trình tự axit amin, trong đó trình tự axit amin tương đồng ít nhất là 20% với trình tự axit amin của SEQ NO:1, trong đó polypeptit có thay thế axit amin ở hai hoặc nhiều vị trí axit amin được chọn từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin 712, 383, 114, 118, 225, 304, 323, 349, 357, 487, 550, 556, 564, 590 và 649, trong đó

thay thế axit amin ở vị trí axit amin 712 được chọn từ nhóm bao gồm thay thế 712A, 712G, 712I, 712M, 712P hoặc 712V, tốt hơn là 712M,

thay thế axit amin ở vị trí axit amin 383 được chọn từ nhóm bao gồm thay thế 383A, 383G, 383I, 383L, 383M, 383V, 383N, 383C, 383Q, 383S hoặc 383T, tốt hơn là 383A, 383G, 383M, 383V, 383N, 383C, 383Q, 383S hoặc 383T, tốt hơn nữa 383G, 383V, 383C, 383S hoặc 383T, còn tốt hơn nữa 383V hoặc 383T, và tốt nhất là 383V,

thay thế axit amin ở vị trí axit amin 114 được chọn từ nhóm bao gồm thay thế 114A, 114G, 114I, 114M, 114P hoặc 114V, tốt hơn là 114I,

thay thế axit amin ở vị trí axit amin 118 là 118A, 118G, 118I, 118L, 118M, 118P hoặc 118V, tốt hơn là 118V,

thay thế axit amin ở vị trí axit amin 225 được chọn từ nhóm bao gồm thay thế 225A, 225G, 225I, 225L, 225M, 225P hoặc 225V, tốt hơn là 225I, 225L, 225M hoặc 225V, và tốt hơn nữa 225V,

thay thế axit amin ở vị trí axit amin 304 được chọn từ nhóm bao gồm thay thế 304G, 304I, 304L, 304M, 304P hoặc 304V, tốt hơn là 304I hoặc 304L, và tốt hơn nữa 304I,

thay thế axit amin ở vị trí axit amin 323 được chọn từ nhóm bao gồm thay thế 323A, 323G, 323I, 323L, 323M, 323P, hoặc 323V, tốt hơn là 323I hoặc 323V, và tốt hơn nữa 323I,

thay thế axit amin ở vị trí axit amin 349 được chọn từ nhóm bao gồm thay thế 349W hoặc 349Y, tốt hơn là 349Y,

thay thế axit amin ở vị trí axit amin 357 được chọn từ nhóm bao gồm thay thế 357A, 357I, 357L, 357M, 357P hoặc 357V, tốt hơn là 357A,

thay thế axit amin ở vị trí axit amin 487 được chọn từ nhóm bao gồm thay thế 487A, 487G, 487I, 487L, 487M, 487P hoặc 487V, tốt hơn là 487A, 487M, 487G, 487L hoặc 487V, tốt hơn nữa 487A,

thay thế axit amin ở vị trí axit amin 550 được chọn từ nhóm bao gồm thay thế 550A, 550G, 550I, 550L, 550M hoặc 550P, tốt hơn là 550I hoặc 550P, và tốt hơn nữa 550I,

thay thế axit amin ở vị trí axit amin 556 được chọn từ nhóm bao gồm thay thế 556N, 556C, 556Q hoặc S556T, tốt hơn là 556T,

thay thế axit amin ở vị trí axit amin 564 được chọn từ nhóm bao gồm thay thế 564D hoặc 564E, tốt hơn là 564E,

thay thế axit amin ở vị trí axit amin 590 được chọn từ nhóm bao gồm thay thế 590N, 590C, 590Q, 590S, 590T, 590A, 590G, 590I, 590L, 590M, 590P hoặc 590V, tốt hơn là 590N, 590G hoặc 590A, tốt hơn nữa 590N, và

thay thế axit amin ở vị trí axit amin 649 được chọn từ nhóm bao gồm thay thế 649D hoặc 649E, tốt hơn là 649E;

trong đó cách đánh số axit amin nhằm chỉ vị trí căn thẳng trong trình tự SEQ ID NO:1.

Theo phương án được ưu tiên của khía cạnh thứ 13 theo sáng chế, mà cũng là một phương án trong số các phương án trước bất kỳ khác của khía cạnh thứ 13, polypeptit là polypeptit có hoạt tính trehaloza phosphorylaza, trong đó polypeptit chứa trình tự axit

amin mà tương đồng ít nhất là 77% với trình tự axit amin của SEQ NO: 1, trong đó polypeptit có thay thế axit amin ở hai hoặc nhiều vị trí axit amin được chọn từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin 383, 114, 225, 304, 323, 349, 357, 550, 556, 564 và 649, trong đó

thay thế axit amin ở vị trí axit amin 383 được chọn từ nhóm bao gồm thay thế 383A, 383G, 383I, 383L, 383M, 383V, 383N, 383C, 383Q, 383S hoặc 383T, tốt hơn là 383A, 383G, 383M, 383V, 383N, 383C, 383Q, 383S hoặc 383T, tốt hơn nữa 383G, 383V, 383C, 383S hoặc 383T, còn tốt hơn nữa 383V hoặc 383T, và tốt nhất là 383V,

thay thế axit amin ở vị trí axit amin 114 được chọn từ nhóm bao gồm thay thế 114A, 114G, 114I, 114M, 114P hoặc 114V, tốt hơn là 114I,

thay thế axit amin ở vị trí axit amin 225 được chọn từ nhóm bao gồm thay thế 225A, 225G, 225I, 225L, 225M, 225P hoặc 225V, tốt hơn là 225I, 225L, 225M hoặc 225V, và tốt hơn nữa 225V,

thay thế axit amin ở vị trí axit amin 304 được chọn từ nhóm bao gồm thay thế 304G, 304I, 304L, 304M, 304P hoặc 304V, tốt hơn là 304I hoặc 304L, và tốt hơn nữa 304I,

thay thế axit amin ở vị trí axit amin 323 được chọn từ nhóm bao gồm thay thế 323A, 323G, 323I, 323L, 323M, 323P, hoặc 323V, tốt hơn là 323I hoặc 323V, và tốt hơn nữa 323I,

thay thế axit amin ở vị trí axit amin 349 được chọn từ nhóm bao gồm thay thế 349W hoặc 349Y, tốt hơn là 349Y,

thay thế axit amin ở vị trí axit amin 357 được chọn từ nhóm bao gồm thay thế 357A, 357I, 357L, 357M, 357P hoặc 357V, tốt hơn là 357A,

thay thế axit amin ở vị trí axit amin 550 được chọn từ nhóm bao gồm thay thế 550A, 550G, 550I, 550L, 550M hoặc 550P, tốt hơn là 550I hoặc 550P, và tốt hơn nữa 550I,

thay thế axit amin ở vị trí axit amin 556 được chọn từ nhóm bao gồm thay thế 556N, 556C, 556Q hoặc S556T, tốt hơn là 556T,

thay thế axit amin ở vị trí axit amin 564 được chọn từ nhóm bao gồm thay thế 564D hoặc 564E, tốt hơn là 564E, và

thay thế axit amin ở vị trí axit amin 649 được chọn từ nhóm bao gồm thay thế 649D hoặc 649E, tốt hơn là 649E;

trong đó cách đánh số axit amin nhằm chỉ vị trí căn thẳng trong trình tự SEQ ID NO:1.

Theo phương án được ưu tiên khác của khía cạnh thứ 13 của sáng chế, mà cũng là một phương án trong số các phương án trước bất kỳ khác của khía cạnh thứ 13, polypeptit chứa ít nhất là một thay thế axit amin nữa ở vị trí axit amin được chọn trong số vị trí axit amin 712, 118, 487 và 590, trong đó

thay thế axit amin ở vị trí axit amin 712 được chọn từ nhóm bao gồm thay thế 712A, 712G, 712I, 712M, 712P hoặc 712V, tốt hơn là 712M,

thay thế axit amin ở vị trí axit amin 118 được chọn từ nhóm bao gồm thay thế 118A, 118G, 118I, 118L, 118M, 118P hoặc 118V, tốt hơn là 118V,

thay thế axit amin ở vị trí axit amin 487 được chọn từ nhóm bao gồm thay thế 487A, 487G, 487I, 487L, 487M, 487P hoặc 487V, tốt hơn là 487A, 487G, 487L, 487M hoặc 487V, tốt hơn nữa 487A, và

thay thế axit amin ở vị trí axit amin 590 được chọn từ nhóm bao gồm thay thế 590N, 590C, 590Q, 590S, 590T, 590A, 590G, 590I, 590L, 590M, 590P hoặc 590V, tốt hơn là 590N, 590G hoặc 590A, tốt hơn nữa 590N;

trong đó cách đánh số axit amin nhằm chỉ vị trí căn thẳng trong trình tự SEQ ID NO:1.

Theo phương án được ưu tiên khác của khía cạnh thứ 13 theo sáng chế, mà cũng là một phương án trong số các phương án trước bất kỳ khác của khía cạnh thứ 13, polypeptit là polypeptit có hoạt tính trehaloza phosphorylaza, trong đó polypeptit chứa trình tự axit amin, trong đó trình tự axit amin có mức độ tương đồng ít nhất là 68% với trình tự axit amin của SEQ NO: 1, trong đó polypeptit có thay thế axit amin ở hai hoặc nhiều vị trí axit amin each và riêng lẻ được chọn từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin 383, 114, 225, 304, 323, 349, 357, 550, 556 và 564, trong đó

thay thế axit amin ở vị trí axit amin 383 được chọn từ nhóm bao gồm thay thế 383A, 383G, 383I, 383L, 383M, 383V, 383N, 383C, 383Q, 383S hoặc 383T, tốt hơn là 383A, 383G, 383M, 383V, 383N, 383C, 383Q, 383S hoặc 383T, tốt hơn nữa 383G, 383V, 383C, 383S hoặc 383T, còn tốt hơn nữa 383V hoặc 383T, và tốt nhất là 383V,

thay thế axit amin ở vị trí axit amin 114 được chọn từ nhóm bao gồm thay thế 114A, 114G, 114I, 114M, 114P hoặc 114V, tốt hơn là 114I,

thay thế axit amin ở vị trí axit amin 225 được chọn từ nhóm bao gồm thay thế 225A, 225G, 225I, 225L, 225M, 225P hoặc 225V, tốt hơn là 225I, 225L, 225M hoặc 225V, và tốt hơn nữa 225V,

thay thế axit amin ở vị trí axit amin 304 là 304I,

thay thế axit amin ở vị trí axit amin 323 được chọn từ nhóm bao gồm thay thế 323A, 323G, 323I, 323L, 323M, 323P, hoặc 323V, tốt hơn là 323I hoặc 323V, và tốt hơn nữa 323I,

thay thế axit amin ở vị trí axit amin 349 được chọn từ nhóm bao gồm thay thế 349W hoặc 349Y, tốt hơn là 349Y,

thay thế axit amin ở vị trí axit amin 357 được chọn từ nhóm bao gồm thay thế 357A, 357I, 357L, 357M, 357P hoặc 357V, tốt hơn là 357A,

thay thế axit amin ở vị trí axit amin 550 được chọn từ nhóm bao gồm thay thế 550A, 550G, 550I, 550L, 550M hoặc 550P, tốt hơn là 550I hoặc 550P, và tốt hơn nữa 550I,

thay thế axit amin ở vị trí axit amin 556 được chọn từ nhóm bao gồm thay thế 556N, 556C, 556Q hoặc S556T, tốt hơn là 556T, và

thay thế axit amin ở vị trí axit amin 564 được chọn từ nhóm bao gồm thay thế 564D hoặc 564E, tốt hơn là 564E;

trong đó cách đánh số axit amin nhằm chỉ vị trí căn thẳng trong trình tự SEQ ID NO:1.

Theo phương án được ưu tiên khác của khía cạnh thứ 13 theo sáng chế, mà cũng là một phương án trong số các phương án trước bất kỳ khác của khía cạnh thứ 13, polypeptit theo sáng chế chứa ít nhất là một thay thế axit amin nữa ở ít nhất là một trong số các vị trí axit amin được chọn từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin 712, 118, 487, 590 và 649, trong đó

thay thế axit amin ở vị trí axit amin 712 được chọn từ nhóm bao gồm thay thế 712A, 712G, 712I, 712M, 712P hoặc 712V, tốt hơn là 712M,

thay thế axit amin ở vị trí axit amin 118 được chọn từ nhóm bao gồm thay thế 118A, 118G, 118I, 118L, 118M, 118P hoặc 118V, tốt hơn là 118V,

thay thế axit amin ở vị trí axit amin 487 được chọn từ nhóm bao gồm thay thế 487A, 487G, 487I, 487L, 487M, 487P hoặc 487V, tốt hơn là 487A, 487G, 487L, 487M hoặc 487V, tốt hơn nữa 487A,

thay thế axit amin ở vị trí axit amin 590 được chọn từ nhóm bao gồm thay thế 590N, 590C, 590Q, 590S, 590T, 590A, 590G, 590I, 590L, 590M, 590P hoặc 590V, tốt hơn là 590N, 590G hoặc 590A, tốt hơn nữa 590N, và

thay thế axit amin ở vị trí axit amin 649 được chọn từ nhóm bao gồm thay thế 649D hoặc 649E, tốt hơn là 649E;

trong đó cách đánh số axit amin nhằm chỉ vị trí căn thẳng trong trình tự SEQ ID NO:1.

Theo phương án được ưu tiên khác của khía cạnh thứ 13 theo sáng chế, mà cũng là một phương án trong số các phương án trước bất kỳ khác của khía cạnh thứ 13, polypeptit có hoạt tính trehaloza phosphorylaza là polypeptit chứa trình tự axit amin, trong đó trình tự axit amin có mức độ tương đồng ít nhất là 63% với trình tự axit amin của SEQ NO: 1, trong đó polypeptit có thay thế axit amin ở hai hoặc nhiều vị trí axit amin được chọn trong số vị trí axit amin 383, 114, 225, 304, 323, 349, 357, 556 và 564, trong đó

thay thế axit amin ở vị trí axit amin 383 được chọn từ nhóm bao gồm thay thế 383A, 383G, 383I, 383L, 383M, 383V, 383N, 383C, 383Q, 383S hoặc 383T, tốt hơn là 383A, 383G, 383M, 383V, 383N, 383C, 383Q, 383S hoặc 383T, tốt hơn nữa 383G, 383V, 383C, 383S hoặc 383T, còn tốt hơn nữa 383V hoặc 383T, và tốt nhất là 383V,

thay thế axit amin ở vị trí axit amin 114 được chọn từ nhóm bao gồm thay thế 114A, 114G, 114I, 114M, 114P hoặc 114V, tốt hơn là 114I,

thay thế axit amin ở vị trí axit amin 225 được chọn từ nhóm bao gồm thay thế 225A, 225G, 225I, 225L, 225M, 225P hoặc 225V, tốt hơn là 225I, 225L, 225M hoặc 225V, và tốt hơn nữa 225V,

thay thế axit amin ở vị trí axit amin 304 là 304I,

thay thế axit amin ở vị trí axit amin 323 được chọn từ nhóm bao gồm thay thế 323A, 323G, 323I, 323L, 323M, 323P, hoặc 323V, tốt hơn là 323I hoặc 323V, và tốt hơn nữa 323I,

thay thế axit amin ở vị trí axit amin 349 được chọn từ nhóm bao gồm thay thế 349W hoặc 349Y, tốt hơn là 349Y,

thay thế axit amin ở vị trí axit amin 357 được chọn từ nhóm bao gồm thay thế 357A, 357I, 357L, 357M, 357P hoặc 357V, tốt hơn là 357A, và

thay thế axit amin ở vị trí axit amin 556 được chọn từ nhóm bao gồm thay thế 556N, 556C, 556Q hoặc S556T, tốt hơn là 556T,

thay thế axit amin ở vị trí axit amin 564 được chọn từ nhóm bao gồm thay thế 564D hoặc 564E, tốt hơn là 564E;

trong đó cách đánh số axit amin nhằm chỉ vị trí căn thẳng trong trình tự SEQ ID NO: 1.

Theo phương án được ưu tiên khác của khía cạnh thứ 13 theo sáng chế, mà cũng là một phương án trong số các phương án trước bất kỳ khác của khía cạnh thứ 13, polypeptit theo sáng chế chứa ít nhất là một thay thế axit amin nữa ở ít nhất là một axit amin vị trí được chọn từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin 712, 118, 487, 550, 590 và 649, trong đó

thay thế axit amin ở vị trí axit amin 712 được chọn từ nhóm bao gồm thay thế 712A, 712G, 712I, 712M, 712P hoặc 712V, tốt hơn là 712M,

thay thế axit amin ở vị trí axit amin 118 được chọn từ nhóm bao gồm thay thế 118A, 118G, 118I, 118L, 118M, 118P hoặc 118V, tốt hơn là 118V,

thay thế axit amin ở vị trí axit amin 487 được chọn từ nhóm bao gồm thay thế 487A, 487G, 487I, 487L, 487M, 487P hoặc 487V, tốt hơn là 487A, 487G, 487L, 487M hoặc 487V, tốt hơn nữa 487A,

thay thế axit amin ở vị trí axit amin 550 được chọn từ nhóm bao gồm thay thế 550A, 550G, 550I, 550L, 550M hoặc 550P, tốt hơn là 550I hoặc 550P, và tốt hơn nữa 550I,

thay thế axit amin ở vị trí axit amin 590 được chọn từ nhóm bao gồm thay thế 590N, 590C, 590Q, 590S, 590T, 590A, 590G, 590I, 590L, 590M, 590P hoặc 590V, tốt hơn là 590N, 590G hoặc 590A, tốt hơn nữa 590N, và

thay thế axit amin ở vị trí axit amin 649 được chọn từ nhóm bao gồm thay thế 649D hoặc 649E, tốt hơn là 649E;

trong đó cách đánh số axit amin nhằm chỉ vị trí căn thẳng trong trình tự SEQ ID NO:1.

Theo phương án thứ hai của khía cạnh thứ 13, mà là một phương án của phương án thứ nhất hoặc phương án trước bất kỳ khác của khía cạnh thứ 13, trình tự axit amin tương đồng ít nhất là 50% với trình tự axit amin của SEQ NO: 1.

Theo phương án thứ ba của khía cạnh thứ 13, mà là một phương án của phương án thứ hai hoặc phương án trước bất kỳ khác của khía cạnh thứ 13, trình tự axit amin là tương đồng ít nhất là 51%, 52%, 53%, 54%, 55%, 56%, 57%, 58%, 59%, 60%, 61%, 62%, 63%, 64%, 65%, 66%, 67%, 68%, 69%, 70%, 71%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79% hoặc 80% với trình tự axit amin của SEQ NO:1.

Theo phương án thứ tư của khía cạnh thứ 13, mà cũng là một phương án trong số các phương án thứ nhất, thứ hai và thứ ba hoặc phương án trước bất kỳ khác của khía cạnh thứ 13, trình tự axit amin có thay thế axit amin ở hai, ba, bốn, năm, sáu, bảy, tám, chín, mười, mười một, mười hai, 13, 14, hoặc 15 vị trí axit amin được chọn trong số vị trí axit amin 712, 383, 114, 118, 225, 304, 323, 349, 357, 487, 550, 556, 564, 590 và 649.

Theo phương án được ưu tiên khác của khía cạnh thứ 13, mà cũng là một phương án trong số các phương án thứ nhất, thứ hai, thứ ba, và thứ tư hoặc phương án trước bất kỳ khác của khía cạnh thứ 13, polypeptit có hoạt tính trehaloza phosphorylaza là trehaloza phosphorylaza loại thường và/hoặc biến thể từ trehaloza phophorylaza loại thường, mà thu được từ sinh vật thuộc ngành *Basidomycota*, tốt hơn là từ sinh vật thuộc nhóm bao gồm *Agaricomycetes*, và tốt hơn là từ sinh vật thuộc giống của nhóm bao gồm giống *Schizophyllum*, *Pleurotus*, *Grifola*, *Agaricus*, *Tramestes*, *Coriolus*, *Tramestes*, *Trichaptum*, và *Lenzites*. Theo một phương án được ưu tiên khác của khía cạnh thứ 13,

mà cũng là một phương án trong số các phương án thứ nhất, thứ hai, thứ ba, và thứ tư hoặc phương án trước bất kỳ khác của khía cạnh thứ 13, hoạt tính trehaloza phosphorylaza được xác định như được bộc lộ trong bản mô tả này và cụ thể hơn như được bộc lộ trong các khổ [0371] và [0372].

Cần phải hiểu rằng trehaloza phosphorylaza được bộc lộ trong bản mô tả này theo các khía cạnh và các phương án khác nhau của nó còn có thể được gọi là trehaloza phosphorylaza theo sáng chế.

Sáng chế dựa trên phát hiện ngạc nhiên rằng trehaloza phosphorylaza có chỉ số phân loại theo hệ EC là EC 2.4.1.231, mà còn được gọi là "TP", có thể được cải thiện bằng cách xử lý enzym. Trehaloza phosphorylaza có trình tự axit amin theo SEQ ID NO: 1 được sử dụng làm điểm bắt đầu cho việc xử lý bằng enzym như vậy. Trehaloza phosphorylaza đó có trình tự axit amin theo SEQ ID NO: 1 có thể được chuẩn bị từ *Shizophyllum commune* mà đã được xác định tính chất bởi Eis và các đồng tác giả (*FEBS Letters* 440, 440-443 (1998)). UniProt: D8PWQ7 (GenBank: EFJ00254.1) bộc lộ trình tự loại thường protein của từng thể phân lập *Schizophyllum commune* H4-8 (mức độ đồng nhất 99,1%). Trình tự này khác SEQ ID NO: 1 ở bảy vị trí của SEQ ID NO: 1, trong đó thể phân lập H4-8 mang gốc axit amin lysin ở vị trí tương đồng với vị trí 10 của SEQ ID NO: 1, gốc axit amin serin ở vị trí tương đồng với vị trí 32 của SEQ ID NO: 1, gốc axit amin valin ở vị trí tương đồng với vị trí 374 của SEQ ID NO: 1, gốc axit amin axit glutamic ở vị trí tương đồng với vị trí 535 của SEQ ID NO: 1, gốc axit amin prolin ở vị trí tương đồng với vị trí 536 của SEQ ID NO: 1, gốc axit amin isoleuxin ở vị trí tương đồng với vị trí 616 của SEQ ID NO:1 và gốc axit amin valin ở vị trí tương đồng với vị trí 649 của SEQ ID NO: 1. UniProt: A0A151VW19 (GenBank: KYQ39707,1) bộc lộ trình tự loại thường protein của trehaloza phosphorylaza từ sinh vật *Hypsizygus marmoreus*, mà đồng nhất đến 77,9% với trình tự SEQ ID NO: 1. Ngoài TP từ *Schizophyllum commune*, các TP có nguồn gốc từ nấm đã được bộc lộ, ví dụ, *Lentinus sajor-caju* (đồng nhất 73,2%), *Pleurotus ostreatus* (đồng nhất 75,8%), hoặc *Grifola frondosa* (đồng nhất 76,7%). Đối với *Grifola frondosa*, các trình tự protein thu được từ các thể phân lập khác nhau đã được bộc lộ, trong số chúng có các trình tự SEQ ID NO: 160 (UniProtKB/Swiss-Prot: số truy cập: O75003.1) và SEQ ID NO: 81 (số truy cập Genbank: ADM15725.1).

Các tác giả sáng chế đã bất ngờ phát hiện ra rằng thay thế gốc axit amin ở một hoặc vài vị trí axit amin dưới đây của trình tự axit amin của SEQ ID NO: 1 là thích hợp để cải thiện các tính chất phản ứng của trehaloza phosphorylaza có trình tự SEQ ID NO: 1: 712, 383, 10, 114, 118, 192, 197, 220, 225, 304, 306, 318, 323, 339, 349, 357, 459, 476, 481, 484, 487, 488, 506, 511, 526, 530, 532, 533, 537, 550, 556, 564, 590, 649, 667, 703 và 705. Trong số các vị trí axit amin này của SEQ ID NO: 1, các vị trí axit amin 712, 383, 10, 114, 118, 220, 225, 304, 318, 323, 349, 357, 481, 487, 488, 506, 511, 550, 556, 564, 590, 649, 703 và 705 là đặc biệt thích hợp, trong đó các vị trí axit amin 712, 383, 114, 118, 225, 304, 323, 349, 357, 487, 550, 556, 564, 590 và 649, đều của SEQ ID NO: 1 là thích hợp hơn nữa.

Do đó, theo khía cạnh thứ nhất sáng chế đề xuất polypeptit chứa trình tự axit amin, trong đó trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza có mức độ đồng nhất ít nhất là 80% với và/hoặc đồng nhất ít nhất là 80% với trình tự axit amin của SEQ ID NO:1, trong đó trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza chứa thay thế axit amin ở một hoặc nhiều vị trí axit amin, trong đó một hoặc nhiều vị trí axit amin được chọn độc lập từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin 712, 383, 10, 114, 118, 192, 197, 220, 225, 304, 306, 318, 323, 339, 349, 357, 459, 476, 481, 484, 487, 488, 506, 511, 526, 530, 532, 533, 537, 550, 556, 564, 590, 649, 667, 703 và 705 của SEQ ID NO: 1.

Theo phương án được ưu tiên, trình tự axit amin của SEQ ID NO: 1 là trình tự axit amin của polypeptit, nhờ đó tốt hơn nếu polypeptit là trehaloza phosphorylaza.

Do đó, theo khía cạnh thứ nhất sáng chế còn đề xuất trehaloza phosphorylaza có trình tự axit amin, trong đó trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza có mức độ đồng nhất ít nhất là 80% với và/hoặc đồng nhất ít nhất là 80% với trình tự axit amin của SEQ ID NO: 1, trong đó trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza chứa thay thế axit amin ở một hoặc nhiều vị trí axit amin, trong đó một hoặc nhiều vị trí axit amin được chọn từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin 712, 383, 10, 114, 118, 192, 197, 220, 225, 304, 306, 318, 323, 339, 349, 357, 459, 476, 481, 484, 487, 488, 506, 511, 526, 530, 532, 533, 537, 550, 556, 564, 590, 649, 667, 703 và 705 của SEQ ID NO: 1.

Theo một phương án, polypeptit theo khía cạnh thứ nhất là trehaloza phosphorylaza, tốt hơn là trehaloza phosphorylaza có một hoặc vài tính chất được bộc lộ

trong bản mô tả này. Theo đó, phần mô tả về trehaloza phosphorylaza theo sáng chế và cụ thể là theo từng và mỗi khía cạnh áp dụng ngang bằng đối với polypeptit của sáng chế này, và ngược lại. Hơn thế nữa, theo phương án polypeptit theo sáng chế là polypeptit có hoạt tính trehaloza phosphorylaza. Tốt hơn là, hoạt tính trehaloza là hoạt tính mà được xác định trong bản mô tả này.

Khi đề cập đến trehaloza phosphorylaza có trình tự axit amin, trong đó trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza có mức độ đồng nhất ít nhất là 80% với và/hoặc tương đồng ít nhất là 80% với trình tự axit amin của SEQ ID NO:1, trong đó trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza chứa thay thế axit amin ở một hoặc nhiều vị trí axit amin, trong đó một hoặc nhiều vị trí axit amin được chọn từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin 712, 383, 10, 114, 118, 192, 197, 220, 225, 304, 306, 318, 323, 339, 349, 357, 459, 476, 481, 484, 487, 488, 506, 511, 526, 530, 532, 533, 537, 550, 556, 564, 590, 649, 667, 703 và 705 của SEQ ID NO: 1, có, theo một phương án, cùng một nghĩa như việc đề cập đến trehaloza phosphorylaza có mức độ tương đồng ít nhất là 80% với trình tự SEQ ID NO: 1, trong đó trehaloza phosphorylaza chứa thay thế ở một hoặc nhiều vị trí được chọn trong số 712, 383, 10, 114, 118, 192, 197, 220, 225, 304, 306, 318, 323, 339, 349, 357, 459, 476, 481, 484, 487, 488, 506, 511, 526, 530, 532, 533, 537, 550, 556, 564, 590, 649, 667, 703 và 705, khi từng vị trí tương ứng với vị trí của trình tự axit amin của SEQ ID NO: 1.

Trong phạm vi trehaloza phosphorylaza theo sáng chế, tốt hơn là bao gồm khía cạnh bất kỳ của sáng chế, là trehaloza phosphorylaza đột biến và cụ thể hơn trehaloza phosphorylaza đột biến của trehaloza phosphorylaza có trình tự axit amin của SEQ ID NO: 1. Theo một phương án, trehaloza phosphorylaza theo sáng chế là trehaloza phosphorylaza có trình tự axit amin khác trình tự axit amin của SEQ ID NO: 1. Theo một phương án khác nữa, trehaloza phosphorylaza theo sáng chế là trehaloza phosphorylaza mà là khác trehaloza phosphorylaza bao gồm trình tự axit amin của SEQ ID NO: 1.

Theo khía cạnh thứ nhất theo sáng chế, trehaloza phosphorylaza theo sáng chế có ít nhất là một thay thế axit amin ở ít nhất là một vị trí axit amin của SEQ ID NO: 1. Lưu ý rằng, về nguyên tắc, cả vị trí axit amin nơi mà thay thế này được tạo ra và loại axit amin được thế đều quan trọng. Theo đó, theo một phương án của trehaloza phosphorylaza theo sáng chế, thay thế axit amin được tạo ra ở một trong số các vị trí axit amin được chỉ định

cụ thể của SEQ ID NO: 1, nhờ đó, một cách tùy ý, chính gốc axit amin có mặt ở vị trí như vậy của SEQ ID NO: 1 không mang không có liên quan gì đến loại gốc axit amin được thế có mặt trong trehaloza phosphorylaza theo sáng chế; theo cách khác, và cũng tùy ý, chính gốc axit amin có mặt tại vị trí đó của SEQ ID NO:1 có liên quan đến loại gốc axit amin được thế có mặt ở trehaloza phosphorylaza theo sáng chế. Thay thế có thể là không bảo toàn hoặc bảo toàn. Nhằm các mục đích của sáng chế, bảo toàn có nghĩa là sự thay đổi axit amin G thành A; A thành G, S; V thành I, L, A, T, S; I thành V, L, M; L thành I, M, V; M thành L, I, V; P thành A, S, N; F thành Y, W, H; Y thành F, W, H; W thành Y, F, H; R thành K, E, D; K thành R, E, D; H thành Q, N, S; D thành N, E, K, R, Q; E thành Q, D, K, R, N; S thành T, A; T thành S, V, A; C thành S, T, A; N thành D, Q, H, S; Q thành E, N, H, K, R.

Cũng do đó, theo phương án về trehaloza phosphorylaza theo sáng chế, thay thế axit amin là thay thế khi chính gốc axit amin của bất kỳ trong số các vị trí axit amin đã được chỉ định của SEQ ID NO: 1 được thế, nhờ đó, một cách tùy ý, vị trí axit amin của gốc axit amin được thế không chính xác là thay thế như được biểu thị bằng cách viện dẫn đến SEQ ID NO: 1; mà theo một phương án, vị trí axit amin của gốc axit amin được thế khác vị trí tương ứng của SEQ ID NO: 1, tốt hơn là ở một đến năm, tốt hơn là một đến ba, tốt hơn nữa một đến hai và tốt nhất là một vị trí axit amin.

Ở mức độ trehaloza phosphorylaza theo sáng chế được xác định là chứa thay thế axit amin ở một hoặc nhiều vị trí axit amin đã định, cần phải hiểu rằng trehaloza phosphorylaza theo sáng chế là phân tử có một thay thế đơn tại một trong số các vị trí axit amin đã định; tuy nhiên, cũng cần hiểu rằng trehaloza phosphorylaza được mô tả như vậy theo sáng chế còn bao hàm cả các trehaloza phosphorylaza mà có nhiều hơn một gốc axit amin được thế, như hai, ba v.v. gốc axit amin. Trong trường hợp sau, số lượng gốc axit amin mà được thế là số nguyên bất kỳ nằm trong khoảng từ một đến số lượng gốc axit amin đã chỉ định và xác định là được thế. Theo đó, trehaloza phosphorylaza theo sáng chế là trehaloza phosphorylaza bất kỳ mà có hoặc thực hiện một thay thế axit amin hoặc tổ hợp bất kỳ, thực sự là từng và mọi hoán vị bất kỳ, của các gốc axit amin đã biểu thị và xác định là được thế.

Do đó, trehaloza phosphorylaza có thể bao gồm thay thế axit amin ở một hoặc tổ hợp bất kỳ và, lần lượt, hoán vị các vị trí axit amin trong số 712, 383, 10, 114, 118, 192,

197, 220, 225, 304, 306, 318, 323, 339, 349, 357, 459, 476, 481, 484, 487, 488, 506, 511, 526, 530, 532, 533, 537, 550, 556, 564, 590, 649, 667, 703 và 705. Do đó, theo phương án trehaloza phosphorylaza theo sáng chế chứa ít nhất một thay thế axit amin ở một trong số các vị trí axit amin này của SEQ ID NO: 1, ít nhất là một thay thế axit amin ở ít nhất là hai trong số các vị trí axit amin này của SEQ ID NO: 1, ít nhất là một axit amin một thay thế axit amin ở ít nhất là ba trong số các vị trí axit amin này của SEQ ID NO: 1, ít nhất là một axit amin một thay thế axit amin ở ít nhất là bốn trong số các vị trí axit amin này của SEQ ID NO: 1, ít nhất là một axit amin một thay thế axit amin ở ít nhất là năm trong số các vị trí axit amin này của SEQ ID NO: 1, ít nhất là một thay thế axit amin ở ít nhất là sáu trong số các vị trí axit amin này của SEQ ID NO: 1, ít nhất là một thay thế axit amin ở ít nhất là bảy trong các vị trí axit amin này của SEQ ID NO: 1, ít nhất là một thay thế axit amin ở ít nhất là tám trong số các vị trí axit amin này của SEQ ID NO: 1, ít nhất là một thay thế axit amin ở ít nhất là chín trong số các vị trí axit amin này của SEQ ID NO: 1, ít nhất là một thay thế axit amin ở ít nhất là mười trong số các vị trí axit amin này của SEQ ID NO: 1, ít nhất là một thay thế axit amin ở ít nhất là mười một trong số các vị trí axit amin này của SEQ ID NO: 1, ít nhất là một thay thế axit amin ở ít nhất là mười hai trong số các vị trí axit amin này của SEQ ID NO: 1, ít nhất là một thay thế axit amin ở ít nhất là mười ba trong số các vị trí axit amin này của SEQ ID NO: 1, hoặc ít nhất là một thay thế axit amin ở ít nhất là mười bốn trong số các vị trí axit amin này của SEQ ID NO: 1.

Tuy nhiên, cũng trong phạm vi của sáng chế này, trehaloza phosphorylaza theo sáng chế chứa thậm chí nhiều hơn số thay thế chỉ định nêu trên ở các vị trí axit amin đã được chỉ định của SEQ ID NO: 1, tốt hơn là với điều kiện là trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza thỏa mãn ít nhất là một trong số các dấu hiệu cấu trúc tối thiểu và/hoặc các dấu hiệu chức năng tối thiểu của trehaloza phosphorylaza theo sáng chế. Dấu hiệu cấu trúc tối thiểu như vậy là trehaloza phosphorylaza có trình tự axit amin, trong đó trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza có mức độ đồng nhất ít nhất là 80% với và/hoặc mức độ tương đồng ít nhất là 80% với trình tự axit amin của SEQ ID NO:1, trong đó trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza chứa thay thế axit amin ở một hoặc nhiều vị trí axit amin, trong đó một hoặc nhiều vị trí axit amin được chọn một cách độc lập riêng rẽ từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin 712, 383, 10, 114, 118, 192, 197, 220,

225, 304, 306, 318, 323, 339, 349, 357, 459, 476, 481, 484, 487, 488, 506, 511, 526, 530, 532, 533, 537, 550, 556, 564, 590, 649, 667, 703 và 705 của SEQ ID NO: 1. Dấu hiệu chức năng tối thiểu như vậy là một hoặc tổ hợp bất kỳ gồm các đặc tính bất kỳ trong số các đặc tính (A), (B), (C), (D) và (E) kể cả đặc điểm bất kỳ tiếp theo của chúng được bộc lộ trong bản mô tả này, theo đó đặc tính (A) là tính ổn định nhiệt sau khi ủ ở nhiệt độ 52°C trong thời gian 15 phút được xác định theo hoạt tính còn lại bằng (i) ít nhất là 30% đến 90%; hoặc (ii) ít nhất là 55% đến 100%, đặc tính (B) là tính ổn định nhiệt sau khi ủ ở nhiệt độ 52°C trong thời gian 15 phút mà khác biệt ở chỗ (i) trị số *Tm30* thấp nhất là 52°C và/hoặc trị số *Tm50* thấp nhất là 52°C, đặc tính (C) là tính ổn định nhiệt đặc trưng bởi trị số *Tm30* trong khoảng từ 52°C đến 90°C và/hoặc trị số *Tm50* trong khoảng từ 52°C đến 90°C, đặc tính (D) là tính ổn định nhiệt đặc trưng bởi (i) tính ổn định trong quá trình xử lý đặc trưng bởi thời gian bán tồn ở nhiệt độ 45°C ít nhất là 3 giờ đến 9 ngày, (ii) tính ổn định trong quá trình xử lý đặc trưng bởi thời gian bán tồn ở nhiệt độ 45°C ít nhất là 24 giờ đến 9 ngày và/hoặc tính ổn định trong quá trình xử lý đặc trưng bởi thời gian bán tồn ở nhiệt độ 45°C ít nhất là 4 ngày đến 9 ngày và đặc tính (E) là hoạt tính tương đối được thể hiện ở dạng tỷ lệ 100/500 nằm trong khoảng từ ít nhất là 0,65 đến 1,0, trong đó tỷ lệ 100/500 được xác định là tỷ lệ giữa [hoạt tính trehaloza ở 100mM glucoza và 100mM alpha-glucoza-1 phosphat]/ [hoạt tính trehaloza ở 500mM glucoza và 100mM alpha-glucoza-1 phosphat]. Trong phạm vi của sáng chế này, trehaloza phosphorylaza theo sáng chế thể hiện đặc tính (A), đặc tính (B), đặc tính (C), đặc tính (D), đặc tính (E), các đặc tính (A) và (B), các đặc tính (A) và (C), các đặc tính (A) và (D), các đặc tính (A) và (E), các đặc tính (B) và (C), các đặc tính (B) và (D), các đặc tính (B) và (E), các đặc tính (C) và (D), các đặc tính (C) và (E), các đặc tính (D) và (E), các đặc tính (A), (B) và (C), các đặc tính (A), (B) và (D), các đặc tính (A), (B) và (E), các đặc tính (B), (C) và (D), các đặc tính (B), (C) và (E), các đặc tính (C), (D) và (E), các đặc tính (A), (B), (C) và (D), các đặc tính (A), (B), (C) và (E), các đặc tính (B), (C), (D) và (E), các đặc tính (A), (C), (D) và (E), hoặc các đặc tính (A), (B), (C), (D) và (E).

Theo phương án của trehaloza phosphorylaza theo sáng chế, trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza có thay thế axit amin ở ít nhất là hai vị trí axit amin của trình tự axit amin của SEQ ID NO: 1. Ít nhất là hai vị trí axit amin đó trong bản mô tả này còn được gọi là cặp gồm hai vị trí axit amin. Theo một phương án của trehaloza

phosphorylaza theo sáng chế, cặp gồm hai vị trí axit amin được chọn từ nhóm bao gồm V10 và L114, V10 và I118, V10 và Y220, V10 và N225, V10 và A304, V10 và T323, V10 và F349, V10 và G357, V10 và P383, V10 và Q487, V10 và A506, V10 và V550, V10 và S556, V10 và T564, V10 và D590, V10 và A649, V10 và K705, V10 và L712, L114 và I118, L114 và Y220, L114 và N225, L114 và A304, L114 và T323, V10 và F349, L114 và G357, L114 và P383, L114 và Q487, L114 và A506, L114 và V550, L114 và S556, L114 và T564, L114 và D590, L114 và A649, L114 và K705, L114 và L712, I118 an Y220, I118 và N225, I118 và A304, I118 và T323, V10 và F349, I118 và G357, I118 và P383, I118 và Q487, I118 và A506, I118 và V550, I118 và S556, I118 và T564, I118 và D590, 118 và A649, L118 và K705, I118 và L712, Y220 và N225, Y220 và A304, Y220 và T323, V10 và F349, Y220 và G357, Y220 và P383, Y220 và Q487, Y220 và A506, Y220 và V550, Y220 và S556, Y220 và T564, Y220 và D590, Y220 và A649, Y220 và K705, Y220 và L712, N225 và A304, N225 và T323, V10 và F349, N225 và G357, N225 và P383, N225 và Q487, N225 và A506, N225 và V550, N225 và S556, N225 và T564, N225 và D590, N225 và A649, N225 và K705, N225 và L712, A304 và T323, V10 và F349, A304 và G357, A304 và P383, A304 và Q487, A304 và A506, A304 và V550, A304 và S556, A304 và T564, A304 và D590, A304 và A649, A304 và K705, A304 và L712, T323 và F349, T323 và G357, T323 và P383, T323 và Q487, T323 và A506, T323 và V550, T323 và S556, T323 và T564, T323 và D590, T323 và A649, T323 và K705, T323 và L712, F349 và G357, F349 và P383, F349 và Q487, F349 và A506, F349 và V550, F349 và S556, F349 và T564, F349 và D590, F349 và A649, F349 và K705, F349 và L712, G357 và P383, G357 và Q487, G357 và A506, G357 và V550, G357 và S556, G357 và T564, G357 và D590, G357 và A649, G357 và K705, G357 và L712, P383 và Q487, P383 và A506, P383 và V550, P383 và S556, P383 và T564, P383 và D590, P383 và A649, P383 và K705, P383 và L712, Q487 và A506, Q487 và V550, Q487 và S556, Q487 và T564, Q487 và D590, Q487 và A649, Q487 và K705, Q487 và L712, A506 và V550, A506 và S556, A506 và T564, A506 và D590, A506 và A649, A506 và K705, A506 và L712, V550 và S556, V550 và T564, V550 và D590, V550 và A649, V550 và K705, V550 và L712, S556 và T564, S556 và D590, S556 và A649, S556 và K705, S556 và L712, T564 và D590, T564 và A649, T564 và K705, T564 và L712, D590 và A649, D590 và K705, D590 và L712, A649 và L712, A649 và K705, và K705 và L712. Các phương án khác nữa của trehaloza phosphorylaza theo sáng chế là

khi cặp gồm hai vị trí axit amin được chọn trong số nhóm hạn chế hơn, kể cả các nhóm hạn chế hơn bao gồm các cặp gồm hai vị trí axit amin được bộc lộ cụ thể trong bản mô tả này. Trong phạm vi của sáng chế này, trehaloza phosphorylaza có thay thế axit amin ở một trong số các cặp gồm hai vị trí axit amin của SEQ ID NO: 1.

Cũng được bộc lộ trong bản mô tả này, theo phương án khác nữa trehaloza phosphorylaza chứa ngoài thay thế axit amin ở cặp gồm hai vị trí axit amin của SEQ ID NO: 1 thay thế axit amin ở ít nhất là một hoặc nhiều vị trí axit amin bổ sung của SEQ ID NO: 1. Một hoặc nhiều vị trí axit amin bổ sung như vậy của SEQ ID NO: 1 được chọn một cách riêng rẽ và độc lập từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin 712, 383, 10, 114, 118, 192, 197, 220, 225, 304, 306, 318, 323, 339, 349, 357, 459, 476, 481, 484, 487, 488, 506, 511, 526, 530, 532, 533, 537, 550, 556, 564, 590, 649, 667, 703 và 705, đều của SEQ ID NO: 1. Các phương án khác nữa của trehaloza phosphorylaza theo sáng chế là các phân tử, trong đó một hoặc nhiều vị trí axit amin bổ sung được chọn trong số nhóm hạn chế hơn, kể cả các nhóm hạn chế hơn bao gồm vị trí axit amin bổ sung được bộc lộ một cách cụ thể trong bản mô tả này. Trong phạm vi của sáng chế này, trehaloza phosphorylaza có thay thế axit amin ở một trong số các cặp gồm hai vị trí axit amin của SEQ ID NO: 1 và ở một trong số các trình tự axit amin bổ sung này. Theo đó, mỗi trehaloza phosphorylaza theo một phương án của sáng chế là trehaloza phosphorylaza có một thay thế axit amin ở ít nhất là ba vị trí axit amin, cụ thể là ở cặp gồm hai vị trí axit amin và ở một trong số các vị trí axit amin bổ sung này của SEQ ID NO: 1, trehaloza phosphorylaza có một thay thế axit amin ở ít nhất là bốn vị trí axit amin, cụ thể là ở cặp gồm hai vị trí axit amin và ở hai trong số các vị trí axit amin bổ sung này của SEQ ID NO: 1, trehaloza phosphorylaza có một thay thế axit amin ở ít nhất là năm axit amin vị trí, cụ thể là ở cặp gồm hai vị trí axit amin và ở ba trong số các vị trí axit amin bổ sung này của SEQ ID NO: 1, hoặc trehaloza phosphorylaza có một thay thế axit amin ở ít nhất là sáu axit amin vị trí, cụ thể là ở cặp gồm hai vị trí axit amin và ở bốn trong số các vị trí axit amin bổ sung này của SEQ ID NO: 1. Phương án của trehaloza phosphorylaza theo sáng chế trong đó trehaloza phosphorylaza có thay thế axit amin ở ít nhất là bốn vị trí axit amin, là trehaloza phosphorylaza chứa thay thế axit amin ở các vị trí axit amin 712, 383, 114 và 118, đều của SEQ ID NO: 1. Phương án của trehaloza phosphorylaza theo sáng chế trong đó trehaloza phosphorylaza có thay thế axit amin ở ít nhất là năm axit amin vị trí, là

trehaloza phosphorylaza chứa thay thế axit amin ở các vị trí axit amin 712, 383, 114, 118 và 304, đều của SEQ ID NO: 1, và/hoặc ở các vị trí axit amin 712, 383, 114, 118 và 357, đều của SEQ ID NO: 1. Phương án của trehaloza phosphorylaza theo sáng chế trong đó trehaloza phosphorylaza có thay thế axit amin ở ít nhất là sáu axit amin vị trí, là trehaloza phosphorylaza chứa thay thế axit amin ở các vị trí axit amin 712, 383, 114, 118, 304 và 357, đều của SEQ ID NO: 1.

Theo phương án khác nữa, ngoài thay thế axit amin ở cặp gồm hai vị trí axit amin của SEQ ID NO:1 và thay thế axit amin ở ít nhất là thêm một vị trí axit amin bổ sung của SEQ ID NO: 1, với một hoặc nhiều vị trí axit amin bổ sung của SEQ ID NO: 1 tốt hơn là một, hai, ba hoặc bốn vị trí axit amin của SEQ ID NO: 1 như được bộc lộ trong bản mô tả này, trehaloza phosphorylaza còn chứa thay thế axit amin ở một hoặc nhiều vị trí axit amin khác nữa của SEQ ID NO:1. Một hoặc nhiều vị trí axit amin khác nữa như vậy của SEQ ID NO: 1 được chọn một cách riêng rẽ và độc lập từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin 10, 192, 197, 220, 225, 306, 318, 323, 339, 349, 459, 476, 481, 484, 487, 488, 506, 511, 526, 530, 532, 533, 537, 550, 556, 564, 649, 667, 703 và 705, mỗi SEQ ID NO: 1. Các phương án khác nữa của trehaloza phosphorylaza theo sáng chế là các phương án khi một hoặc nhiều vị trí axit amin nữa được chọn trong số nhóm hạn chế hơn, kể cả các nhóm hạn chế hơn bao gồm vị trí axit amin bổ sung được bộc lộ một cách cụ thể trong bản mô tả này.

Về các thay thế cụ thể được bộc lộ trong bản mô tả này, cần phải lưu ý rằng theo thực tiễn chung trong lĩnh vực thay thế axit amin, các thay thế chỉ số lượng vị trí axit amin nơi thay thế được thực hiện, trong đó số bên trái được bọc sườn ở các hai phía bởi dấu hiệu chỉ báo về gốc axit amin với gốc axit amin ở phía bên trái là gốc axit amin có mặt ở trình tự axit amin chưa được thế và gốc axit amin ở phía bên phải là gốc axit amin có mặt ở trình tự axit amin đã được thế. Theo đó, và chỉ nhằm mục đích minh họa sáng chế, thay thế V10R chỉ ra rằng ở vị trí axit amin 10 là valin được thế bằng arginin.

Trong phạm vi của sáng chế này, đột biến bất kỳ trong số các đột biến tại các vị trí axit amin của SEQ ID NO: 1 như được bộc lộ trong bản mô tả này là đột biến mà dẫn đến, riêng lẻ hoặc theo cách kết hợp bất kỳ, protein mà vẫn có hoạt tính như trehaloza phosphorylaza, cụ thể hơn trehaloza phosphorylaza theo EC 2.4.1.213. Tốt hơn là, đột biến bất kỳ trong số các đột biến này dẫn đến, riêng lẻ hoặc theo cách kết hợp bất kỳ,

trehaloza phosphorylaza có chỉ số phân loại theo hệ EC là EC 2.4.1.213 có ít nhất là một trong số các đặc tính (A), (B), (C), (D) và (E), hoặc tổ hợp bất kỳ gồm các tính chất như vậy, như được bộc lộ trong bản mô tả này.

Cần phải hiểu rằng liên quan đến trehaloza phosphorylaza theo sáng chế ngoài các thay thế đã được bộc lộ cụ thể trong bản mô tả này, đặc biệt là các thay thế ở các vị trí axit amin của SEQ ID NO:1 được bộc lộ trong bản mô tả này, thay thế thêm và/hoặc khác có thể được tạo ra. Tốt hơn là, việc thế tiếp này được tạo ra ở vị trí khác vị trí axit amin D379, H403, R507 và K512, đều của SEQ ID NO: 1, mà các vị trí đó đã được bộc lộ là các vị trí thiết yếu để xúc tác phản ứng một cách thích hợp.

Đã biết cách xác định lần lượt mức độ đồng nhất và mức độ tương đồng của polyme gồm các gốc axit amin. Tốt hơn, nếu mức độ tương đồng được tính như mức độ đồng nhất bằng cách áp dụng BLASTP (ví dụ, xem tài liệu: Stephen F. Altschul, Thomas L. Madden, Alejandro A. Schäffer, Jinghui Zhang, Zheng Zhang, Webb Miller, and David J. Lipman (1997) "*Gapped BLAST and PSI-BLAST: a new generation of protein database search progam*", *Nucleic Acids Res.* 25:3389-3402; hoặc Stephen F. Altschul, John C. Wootton, E. Michael Gertz, Richa Agarwala, Aleksandr Morgulis, Alejandro A. Schäffer, và Yi-Kuo Yu (2005) "*Protein database searches using compositionally adjusted substitution matrices*". FEBS J. 272:5101-5109).

Theo một phương án, trehaloza theo sáng chế là phosphorylaza được phân loại là EC 2.4.1.231 mà xúc tác sự phân cắt phân giải phospho đối với trehaloza thực sự giữ lại cấu hình anome bằng cách sử dụng phosphat vô cơ làm thể nhận glucosyl vào glucoza và alpha-D-glucoza-1 phosphat (aG1P). Phản ứng này là thuận nghịch và, do đó, trehaloza phosphorylaza theo sáng chế chuyển hóa glucoza và alpha-D-glucoza-1 phosphat (aG1P) thành trehaloza và phosphat vô cơ. Trehaloza là đisacarit alpha-d-glucopyranosyl alpha-d-glucopyranosit (alpha,alpha-trehaloza), được xác định đặc điểm là thực thể phân tử với cấu trúc phân tử như được xác định theo IUPAC là (2R,3S,4S,5R,6R)-2-(hyđroxymetyl)-6-[(2R,3R,4S,5S,6R)-3,4,5-trihyđroxy-6-(hyđroxymetyl)oxan-2-yl]oxyoxan-3,4,5-triol ở dạng vật lý bất kỳ.

Theo phương án khác nữa, dựa trên tính tương tự về trình tự axit amin, trehaloza phosphorylaza theo sáng chế được phân loại là một thành viên của họ glycosyltransferaza

GT4 trong cơ sở dữ liệu về enzym có hoạt tính đối với hyđrat cacbon (CAZy, Lombard et al (2014) *Nucleic Acids Res* 42: D490–D495, http://www.cazy.org/).

Theo một phương án, trehaloza phosphorylaza theo sáng chế phản ứng glucosyl monosacarit và alpha-D-glucoza-1 phosphat. Theo một phương án được ưu tiên, glucosyl monosacarit là glucoza, tốt hơn nếu nhờ đó phản ứng sản phẩm là trehaloza.

Theo phương án khác nữa, trehaloza phosphorylaza theo sáng chế phản ứng các monosacarit khác glucoza. Tốt hơn, nếu các monosacarit khác glucoza này được chọn trong số nhóm chứa D-manoza, 2-đeoxy D-glucoza, 2-flo D-glucoza 2-đeoxy-2-flo-D-glucoza, 5-thio-D-glucoza và 2-keto-D-glucoza, mà được bộc lộ là các monosacarit thích hợp cho phosphorylaza được phân loại là EP 2.4.1.231 (ví dụ, xem: Schwarz *et al. J Biotechnol* 129, 140-150 (2007), Nidetzky 2001 et al *Biochem J* (2001) 360, 727-736)).

Theo phương án khác nữa, trehaloza phosphorylaza theo sáng chế không phản ứng beta-D glucoza 1-phosphat, alpha-D-galactoza 1- phosphat, alpha-D-manoza 1- phosphat, hoặc alpha-D-xyloza 1- phosphat như các thể cho glycosyl thay thế thay cho aG1P (Schwarz *et al. J Biotechnol* 129, 140-150 (2007), Saito et al *Appl Microbiol Biotechnol* 64: 4340-4345 (1998)).

Theo phương án khác, tốt hơn nếu trehaloza phosphorylaza theo sáng chế là phosphorylaza được phân loại là EC 2.4.1.231, không chia tách theo cách phân giải phospho đối với các đisacarit khác như alpha,beta-trehaloza, beta,beta-trehaloza, sucroza, xelobioza, lactoza, maltoza, isomaltuloza, isomaltoza, lactuloza hoặc melibioza (ví dụ, xem tài liệu: Schwarz *et al. J Biotechnol* 129, 140-150 (2007), Eis et al *FEBS Letters* 440 (1998) 440-443, Saito et al *Appl Microbiol Biotechnol* 64: 4340-4345 (1998)).

Theo khía cạnh thứ hai, sáng chế liên quan đến polypeptit có một số đặc tính chức năng nhất định. Tốt hơn là, polypeptit là polypeptit có hoạt tính trehaloza phosphorylaza. Tốt hơn nữa, polypeptit là trehaloza phosphorylaza.

Theo phương án được ưu tiên của khía cạnh thứ hai, mà cũng là một phương án trong số các phương án bất kỳ nêu trên của khía cạnh thứ hai, và mà cũng là khía cạnh bổ sung của sáng chế, polypeptit chứa trình tự axit amin, trong đó trình tự axit amin của polypeptit, tốt hơn là của trehaloza phosphorylaza, đồng nhất ít nhất là 80% với và/hoặc

tương đồng ít nhất là 80% với trình tự axit amin của SEQ ID NO: 1, trong đó tốt hơn nếu polypeptit là trehaloza phosphorylaza có ít nhất là một trong số các đặc tính (A), (B), (C), (D) và (E), hoặc kết hợp các tác dụng này theo cách bất kỳ, trong đó đặc tính (A) là tính ổn định nhiệt sau khi ủ ở nhiệt độ 52°C trong thời gian 15 phút được xác định theo hoạt tính còn lại, đặc tính (B) là tính ổn định nhiệt sau khi ủ ở nhiệt độ 52°C trong thời gian 15 phút, nhờ đó tính ổn định nhiệt này được xác định theo trị số *Tm30* tối thiểu và/hoặc trị số *Tm50* tối thiểu, nhờ đó trị số *Tm30* và trị số *Tm50* là như được xác định trong bản mô tả này, đặc tính (C) là tính ổn định nhiệt được xác định theo trị số *Tm30* và/hoặc trị số *Tm50* trong các khoảng nhiệt độ nhất định, đặc tính (D) là tính ổn định nhiệt, trong đó tính ổn định nhiệt được xác định theo tính ổn định trong quá trình xử lý với mức độ ổn định trong quá trình xử lý được xác định là thời gian bán tồn, tốt hơn là thời gian bán tồn của hoạt tính trehaloza phosphorylaza ở nhiệt độ 45°C trong khoảng thời gian nhất định, và đặc tính (E) là hoạt tính tương đối được thể hiện ở dạng tỷ lệ 100/500.

Theo phương án được ưu tiên khác của khía cạnh thứ hai, mà cũng là một phương án trong số các phương án bất kỳ nêu trên của khía cạnh thứ hai, và mà cũng là khía cạnh bổ sung của sáng chế, sáng chế liên quan đến biến thể trehaloza phosphorylaza ổn nhiệt trong đó biến thể giữ lại được ít nhất là 30% hoạt tính ban đầu của nó sau khi ủ trong thời gian 15 phút ở nhiệt độ 52°C trong dung dịch đệm chứa 1M sucroza, và hoạt tính ban đầu được xác định sau khi ủ trong thời gian 15 phút ở nhiệt độ trong phòng. Tốt hơn là, biến thể trehaloza này là biến thể trehaloza phosphorylaza ổn nhiệt, tốt hơn nữa là trehaloza phosphorylaza theo khía cạnh thứ nhất theo sáng chế.

Theo phương án được ưu tiên khác của khía cạnh thứ hai, mà cũng là một phương án trong số các phương án bất kỳ nêu trên của khía cạnh thứ hai, và mà cũng là khía cạnh bổ sung của sáng chế, sáng chế liên quan đến biến thể trehaloza phosphorylaza ổn nhiệt từ *Schizophyllum commune*, trong đó biến thể có hoạt tính còn lại ít nhất là 30% sau khi ủ ở nhiệt độ 52°C trong thời gian 15 phút. Tốt hơn, nếu biến thể trehaloza này là biến thể trehaloza phosphorylaza ổn nhiệt, tốt hơn nữa là trehaloza phosphorylaza theo khía cạnh thứ nhất theo sáng chế.

Theo phương án được ưu tiên khác của khía cạnh thứ hai, mà cũng là một phương án trong số các phương án bất kỳ nêu trên của khía cạnh thứ hai, và mà cũng là khía cạnh bổ sung của sáng chế, sáng chế liên quan đến biến thể của trehaloza phosphorylaza chứa

trình tự axit amin của SEQ ID NO: 1, trong đó biến thể có hoạt tính còn lại ít nhất là 30% sau khi ủ ở nhiệt độ 52°C trong thời gian 15 phút. Tốt hơn, nếu biến thể trehaloza này là biến thể trehaloza phosphorylaza ổn nhiệt, tốt hơn nữa là trehaloza phosphorylaza theo khía cạnh thứ nhất theo sáng chế.

Theo phương án được ưu tiên khác của khía cạnh thứ hai, mà cũng là một phương án trong số các phương án bất kỳ nêu trên của khía cạnh thứ hai, và mà cũng là khía cạnh bổ sung của sáng chế, sáng chế liên quan đến biến thể ổn nhiệt của trehaloza phosphorylaza từ *Grifola frondosa*, trong đó biến thể có hoạt tính còn lại ít nhất là 30% sau khi ủ ở nhiệt độ 52°C trong thời gian 15 phút. Tốt hơn là, biến thể trehaloza này là biến thể trehaloza phosphorylaza ổn nhiệt, tốt hơn nữa là trehaloza phosphorylaza theo khía cạnh thứ 14 của sáng chế.

Theo phương án được ưu tiên khác của khía cạnh thứ hai, mà cũng là một phương án trong số các phương án bất kỳ nêu trên của khía cạnh thứ hai, và mà cũng là khía cạnh bổ sung của sáng chế, sáng chế liên quan đến polypeptit, tốt hơn là trehaloza phosphorylaza, mà là đoạn có hoạt tính enzym của polypeptit, tốt hơn là của trehaloza phosphorylaza, như được xác định theo khía cạnh bất kỳ hoặc theo phương án bất kỳ trong số các phương án được ưu tiên của một khía cạnh được bộc lộ trong bản mô tả này, tốt hơn nữa là trehaloza phosphorylaza theo các khía cạnh thứ nhất, thứ ba, thứ tư, thứ năm, hoặc thứ 14 của sáng chế.

Theo phương án được ưu tiên khác của khía cạnh thứ hai, mà cũng là một phương án trong số các phương án bất kỳ nêu trên của khía cạnh thứ hai, và mà cũng là khía cạnh bổ sung của sáng chế sáng chế liên quan đến polypeptit có hoạt tính trehaloza phosphorylaza, trong đó polypeptit chứa trình tự axit amin, trong đó trình tự axit amin tương đồng ít nhất là 20% với trình tự axit amin của SEQ NO:1, trong đó polypeptit chứa hai hoặc nhiều vị trí axit amin dưới đây được chọn trong số 712A, 712G, 712I, 712M, 712P hoặc 712V, tốt hơn là 712M, 383A, 383G, 383I, 383L, 383M, 383V, 383N, 383C, 383Q, 383S hoặc 383T, tốt hơn là 383V hoặc 383S, tốt nhất là 383V, 114A, 114G, 114I, 114M, 114P hoặc 114V, tốt hơn là 114I, 118A, 118G, 118I, 118L, 118M, 118P hoặc 118V, tốt hơn là 118V, 225A, 225G, 225I, 225L, 225M, 225P hoặc 225V, tốt hơn là 225V, 304G, 304I, 304L, 304M, 304P hoặc 304V, tốt hơn là 304I 323A, 323G, 323I, 323L, 323M, 323P, hoặc 323V, tốt hơn là 323I, 349W hoặc 349Y, tốt hơn là 349Y,

357A, 357I, 357L, 357M, 357P hoặc 357V, tốt hơn là 357A, 487A, 487G, 487I, 487L, 487M, 487P hoặc 487V, tốt hơn là 487A, 487G, 487L hoặc 487V, tốt hơn nữa 487A, 550A, 550G, 550I, 550L, 550M hoặc 550P, tốt hơn là 550I, 556N, 556C, 556Q hoặc S556T, tốt hơn là 556T, 564D hoặc 564E, tốt hơn là 564E, 590N, 590C, 590Q, 590S, 590T, 590A, 590G, 590I, 590L, 590M, 590P hoặc 590V, tốt hơn là 590N hoặc 590A, tốt hơn nữa 590N, và 649D hoặc 649E, tốt hơn là 649E với cách đánh số chỉ vị trí căn thẳng trong trình tự SEQ ID NO:1.

Người có hiểu biết trung bình trong lĩnh vực kỹ thuật này biết cách xác định các vị trí axit amin của trình tự loại thường bất kỳ của enzym trehaloza phosphorylaza mà tương ứng với vị trí nêu trên trong trình tự SEQ ID NO:1. Để làm rõ, và không giới hạn phạm vi của sáng chế, Hình 3 thể hiện việc căn thẳng hoàn chỉnh của SEQ ID NO:1 so với vài enzym trehaloza phosphorylaza thông thường đã biết trong lĩnh vực kỹ thuật này. Ngoài ra, Bảng 5 thể hiện cách đánh số và các vị trí axit amin trong trình tự của các enzym trehaloza phosphorylaza loại thường khác nữa, mà tương ứng với vị trí 114, 118, 225, 304, 323, 349, 383, 487, 550, 556, 564, 590, 649, và 712 của SEQ ID NO:1.

Theo phương án được ưu tiên khác mà cũng là một phương án trong số các phương án bất kỳ nêu trên của khía cạnh thứ hai, sáng chế đề cập đến các polypeptit A_1-A_{10} đến N_1-N_{10} theo Bảng dưới đây (trong đó các cột thể hiện số vị trí và các hàng thể hiện mức độ tương đồng theo phần trăm), trong đó các polypeptit có hoạt tính trehaloza phosphorylaza theo sáng chế với mức độ tương đồng khác nhau với SEQ ID NO:1 bao gồm tổ hợp gồm số lượng khác nhau các vị trí axit amin được chọn trong số 712A, 712G, 712I, 712M, 712P hoặc 712V, tốt hơn là 712M, 383A, 383G, 383I, 383L, 383M, 383V, 383N, 383C, 383Q, 383S hoặc 383T, tốt hơn là 383V hoặc 383S, tốt nhất là 383V, 114A, 114G, 114I, 114M, 114P hoặc 114V, tốt hơn là 114I, 118A, 118G, 118I, 118L, 118M, 118P hoặc 118V, tốt hơn là 118V, 225A, 225G, 225I, 225L, 225M, 225P hoặc 225V, tốt hơn là 225V, 304G, 304I, 304L, 304M, 304P hoặc 304V, tốt hơn là 304I 323A, 323G, 323I, 323L, 323M, 323P, hoặc 323V, tốt hơn là 323I, 349W hoặc 349Y, tốt hơn là 349Y, 357A, 357I, 357L, 357M, 357P hoặc 357V, tốt hơn là 357A, 487A, 487G, 487I, 487L, 487M, 487P hoặc 487V, tốt hơn là 487A, 487G, 487L hoặc 487V, tốt hơn nữa 487A, 550A, 550G, 550I, 550L, 550M hoặc 550P, tốt hơn là 550I, 556N, 556C, 556Q hoặc S556T, tốt hơn là 556T, 564D hoặc 564E, tốt hơn là 564E, 590N, 590C, 590Q, 590S,

590T, 590A, 590G, 590I, 590L, 590M, 590P hoặc 590V, tốt hơn là 590N hoặc 590A, tốt hơn nữa 590N, và 649D hoặc 649E, tốt hơn là 649E với cách đánh số liên quan đến vị trí căn thẳng trong trình tự SEQ ID NO:1. Việc kết hợp các vị trí 712M/118V chẳng hạn thể hiện polypeptit mà có methionin ở vị trí mà căn thẳng với vị trí 712 của SEQ ID NO:1 và valin ở vị trí mà căn thẳng với vị trí 118 của SEQ ID NO:1.

Bảng 1.

Số thứ tự	Mức độ tương đồng với SEQ ID NO:1	Số lượng vị trí thay thế kết hợp													
		A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N
1	≥ 20% < 30%	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
2	≥ 30% < 40%	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
3	≥ 40% < 50%	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
4	≥ 50% < 55%	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
5	≥ 55% < 60%	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
6	≥ 60% < 65%	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
7	≥ 65% < 70%	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
8	≥ 70% < 75%	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
9	≥ 75% < 80%	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
10	≥ 80%	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15

Ví dụ, D_4 có nghĩa là polypeptit có mức độ tương đồng ít nhất là 50% với SEQ ID NO:1 và chứa các thay thế ở 5 vị trí được chọn trong số 712A, 712G, 712I, 712M, 712P hoặc 712V, tốt hơn là 712M, 383A, 383G, 383I, 383L, 383M, 383V, 383N, 383C, 383Q, 383S hoặc 383T, tốt hơn là 383V hoặc 383S, tốt nhất là 383V, 114A, 114G, 114I, 114M, 114P hoặc 114V, tốt hơn là 114I, 118A, 118G, 118I, 118L, 118M, 118P hoặc 118V, tốt hơn là 118V, 225A, 225G, 225I, 225L, 225M, 225P hoặc 225V, tốt hơn là 225V, 304G, 304I, 304L, 304M, 304P hoặc 304V, tốt hơn là 304I 323A, 323G, 323I, 323L, 323M, 323P, hoặc 323V, tốt hơn là 323I, 349W hoặc 349Y, tốt hơn là 349Y, 357A, 357I, 357L, 357M, 357P hoặc 357V, tốt hơn là 357A, 487A, 487G, 487I, 487L, 487M, 487P hoặc 487V, tốt hơn là 487A, 487G, 487L hoặc 487V, tốt hơn nữa 487A, 550A, 550G, 550I, 550L, 550M hoặc 550P, tốt hơn là 550I, 556N, 556C, 556Q hoặc S556T, tốt hơn là 556T, 564D hoặc 564E, tốt hơn là 564E, 590N, 590C, 590Q, 590S, 590T, 590A, 590G, 590I, 590L, 590M, 590P hoặc 590V, tốt hơn là 590N hoặc 590A, tốt hơn nữa 590N, và 649D hoặc 649E, tốt hơn là 649E.

Theo phương án được ưu tiên khác, mà cũng là một phương án trong số các phương án bất kỳ nêu trên của khía cạnh thứ hai, sáng chế liên quan đến polypeptit có hoạt tính trehaloza phosphorylaza, trong đó polypeptit chứa trình tự axit amin, trong đó trình tự axit amin tương đồng ít nhất là 77% với trình tự axit amin của SEQ NO:1, trong đó polypeptit chứa hai hoặc nhiều vị trí axit amin được chọn trong số vị trí axit amin 383, 114, 225, 304, 323, 349, 357, 550, 556, 564 và 649, trong đó cách đánh số axit amin nhằm chỉ vị trí căn thẳng trong trình tự SEQ ID NO:1.

Theo phương án được ưu tiên khác, mà cũng là một phương án trong số các phương án bất kỳ nêu trên của khía cạnh thứ hai, sáng chế liên quan đến polypeptit có hoạt tính trehaloza phosphorylaza, trong đó polypeptit chứa trình tự axit amin, trong đó trình tự axit amin có mức độ tương đồng ít nhất là 68% với trình tự axit amin của SEQ NO:1, trong đó polypeptit có thay thế axit amin ở hai hoặc nhiều vị trí axit amin được chọn trong số vị trí axit amin 383, 114, 225, 304, 323, 349, 357, 550, 556 và 564, trong đó cách đánh số axit amin nhằm chỉ vị trí căn thẳng trong trình tự SEQ ID NO:1.

Theo phương án được ưu tiên khác, mà cũng là một phương án trong số các phương án bất kỳ nêu trên của khía cạnh thứ hai, sáng chế liên quan đến polypeptit có hoạt tính trehaloza phosphorylaza, trong đó polypeptit chứa trình tự axit amin, trong đó trình tự axit amin có mức độ tương đồng ít nhất là 63% với trình tự axit amin của SEQ NO:1, trong đó polypeptit có thay thế axit amin ở hai hoặc nhiều vị trí axit amin được chọn trong số vị trí axit amin 383, 114, 225, 304, 323, 349, 357, 556 và 564, trong đó cách đánh số axit amin nhằm chỉ vị trí căn thẳng trong trình tự SEQ ID NO:1.

Theo phương án được ưu tiên khác, mà cũng là một phương án trong số các phương án bất kỳ nêu trên của khía cạnh thứ hai, sáng chế liên quan đến polypeptit có hoạt tính trehaloza phosphorylaza, trong đó trình tự axit amin tương đồng ít nhất là 50% với trình tự axit amin của SEQ NO:1.

Theo phương án được ưu tiên khác, sáng chế liên quan đến polypeptit có hoạt tính trehaloza phosphorylaza, trong đó trình tự axit amin tương đồng ít nhất là 51%, 52%, 53%, 54%, 55%, 56%, 57%, 58%, 59%, 60%, 61%, 62%, 63%, 64%, 65%, 66%, 67%, 68%, 69%, 70%, 71%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79% hoặc 80%, với trình tự axit amin của SEQ NO:1.

Cần phải hiểu rằng polypeptit và tốt hơn nếu trehaloza phosphorylaza theo khía cạnh thứ nhất và phương án bất kỳ trong số các phương án của nó có thể là phương án của khía cạnh thứ hai và phương án bất kỳ trong số các phương án của nó. Cần phải hiểu rằng polypeptit và tốt hơn nếu trehaloza phosphorylaza của khía cạnh thứ hai và phương án bất kỳ trong số các phương án của nó có thể là phương án theo khía cạnh thứ nhất và phương án bất kỳ trong số các phương án của nó.

Theo khía cạnh thứ sáu, sáng chế liên quan đến phương pháp cho glucosyl monosacarit và alpha-D-glucoza-1 phosphat phản ứng, trong đó phương pháp bao gồm bước cho glucosyl monosacarit và alpha-D-glucoza-1 phosphat phản ứng với trehaloza phosphorylaza theo sáng chế, tốt hơn là trehaloza phosphorylaza theo khía cạnh thứ nhất và/hoặc thứ hai.

Theo khía cạnh thứ bảy, sáng chế liên quan đến phương pháp chuyển hóa glucoza và alpha-D-glucoza-1 phosphat thành trehaloza và phosphat vô cơ, trong đó phương pháp bao gồm bước cho glucoza và alpha-D-glucoza-1 phosphat phản ứng thành trehaloza và phosphat vô cơ với trehaloza phosphorylaza theo sáng chế, tốt hơn là trehaloza phosphorylaza theo khía cạnh thứ nhất và/hoặc thứ hai.

Theo khía cạnh thứ tám, sáng chế liên quan đến phương pháp chuyển hóa trehaloza và phosphat vô cơ thành glucoza và alpha-D-glucoza-1 phosphat, và trong đó phương pháp bao gồm bước cho trehaloza và phosphat vô cơ phản ứng thành glucoza và alpha-D-glucoza-1 phosphat với trehaloza phosphorylaza theo sáng chế, tốt hơn là trehaloza phosphorylaza theo khía cạnh thứ nhất và/hoặc thứ hai.

Theo khía cạnh thứ chín, sáng chế liên quan đến việc sử dụng trehaloza phosphorylaza theo khía cạnh thứ nhất và/hoặc thứ hai để tạo ra trehaloza.

Theo khía cạnh thứ mười, sáng chế liên quan đến phương pháp sản xuất trehaloza bao gồm việc cho glucoza và alpha-D-glucoza-1 phosphat phản ứng ở nhiệt độ thấp nhất là 40°C với sự có mặt của trehaloza phosphorylaza, trong đó trehaloza phosphorylaza

(i) giữ lại được ít nhất là 50% hoạt tính của nó sau khi ủ trong thời gian 15 phút ở nhiệt độ 52°C trong dung dịch đệm chứa 1M sucroza so với hoạt tính của nó không được xử lý bằng nhiệt, và/hoặc

(ii) có tỷ lệ giữa mức độ hoạt tính ở 100mM glucoza so với hoạt tính xúc tác ở 500mM glucoza bằng ít nhất 0,65.

Theo một phương án, trehaloza phosphorylaza là trehaloza phosphorylaza theo khía cạnh thứ nhất và/hoặc thứ hai.

Theo khía cạnh thứ mười một, sáng chế liên quan đến phương pháp làm gia tăng mức độ ổn định nhiệt của trehaloza phosphorylaza, trong đó phương pháp bao gồm:

- căn thẳng trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ nhất với trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ hai,
- nhận diện một hoặc nhiều vị trí axit amin của trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ hai mà tương ứng với một hoặc nhiều vị trí axit amin của trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ nhất, trong đó thế gốc axit amin tại một hoặc nhiều vị trí axit amin của trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ nhất làm tăng mức độ ổn nhiệt của trehaloza phosphorylaza thứ nhất,
- thay thế gốc axit amin tại một hoặc nhiều vị trí axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ hai tương ứng với một hoặc nhiều vị trí axit amin của trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ nhất, trong đó việc thế gốc axit amin tại một hoặc nhiều vị trí axit amin của trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ nhất làm tăng mức độ ổn nhiệt của trehaloza phosphorylaza thứ nhất;

trong đó trehaloza phosphorylaza thứ nhất là trehaloza phosphorylaza có trình tự axit amin theo SEQ ID NO: 1.

Trong phạm vi của sáng chế này, trehaloza phosphorylaza theo sáng chế có mặt như enzym có chiều dài đầy đủ. Cũng trong phạm vi của sáng chế, trehaloza phosphorylaza theo sáng chế có mặt ở dạng một đoạn. Tốt hơn là, đoạn này giữ lại hoạt tính trehaloza phosphorylaza, tốt hơn là hoạt tính trehaloza phosphorylaza như đã xác định, lần lượt được bộc lộ trong bản mô tả này cho trehaloza phosphorylaza theo sáng chế.

Theo khía cạnh khác, sáng chế liên quan đến phân tử axit nucleic mã hóa trehaloza phosphorylaza theo sáng chế. Thông thường, đã biết tạo dẫn xuất phân tử axit nucleic trên cơ sở trình tự axit amin bộc lộ trong bản mô tả này. Tốt hơn là, trình tự axit nucleic

phụ thuộc vào hệ biểu hiện được sử dụng để biểu hiện trehaloza phosphorylaza theo sáng chế. Các hệ biểu hiện được ưu tiên được sử dụng để biểu hiện trehaloza phosphorylaza theo sáng chế là *E. coli, Bacillus sp, P. pastoris* và các hệ biểu hiện ở nấm như *Aspergillus sp*.

Theo khía cạnh khác nữa, sáng chế liên quan đến vật truyền chứa phân tử axit nucleic mã hóa trehaloza phosphorylaza theo sáng chế. Tốt hơn là, vật truyền này là vật truyền biểu hiện. Các vật truyền thích hợp để biểu hiện các enzym đã được bộc lộ trong lĩnh vực kỹ thuật này.

Theo khía cạnh khác, sáng chế liên quan đến vật chủ chứa vật truyền theo sáng chế. Các vật chủ thích hợp cho các vật chủ chứa các vật truyền để biểu hiện các enzym đã được bộc lộ, và tốt hơn nếu sinh vật chủ là *E. coli, Bacillus sp, P. pastoris* hoặc hệ biểu hiện của nấm như *Aspergillus sp*., tốt hơn là *E. coli* và *P. pastoris*. Các phương pháp kết hợp vật truyền đó vào sinh vật chủ cũng là đã biết.

Theo khía cạnh khác, sáng chế liên quan đến phương pháp biểu hiện trehaloza phosphorylaza. Phương pháp này bao gồm việc nuôi cấy vật chủ đã bộc lộ trong bản mô tả này, trong đó sinh vật chủ chứa vật truyền biểu hiện, trong đó vật truyền biểu hiện chứa phân tử axit nucleic mã hóa trehaloza phosphorylaza theo sáng chế, trong các điều kiện mà cho phép biểu hiện phân tử axit nucleic đó, và thu hoạch trehaloza phosphorylaza.

Theo phương án của từng và mọi khía cạnh của sáng chế, kể cả phương án bất kỳ của chúng, trị số *Tm30* được xác định bằng cách áp dụng Thử nghiệm I như được bộc lộ trong bản mô tả này.

Theo phương án của từng và mọi khía cạnh của sáng chế, kể cả phương án bất kỳ của chúng, trị số *Tm30* được xác định bằng cách áp dụng Thử nghiệm II như được bộc lộ trong bản mô tả này.

Theo phương án của từng và mọi khía cạnh của sáng chế, kể cả phương án bất kỳ của chúng, trị số *Tm50* được xác định bằng cách áp dụng Thử nghiệm I như được bộc lộ trong bản mô tả này.

Theo phương án của từng và mọi khía cạnh của sáng chế, kể cả phương án bất kỳ của chúng, trị số *Tm50* được xác định bằng cách áp dụng Thử nghiệm II như được bộc lộ trong bản mô tả này.

Trong phạm vi của sáng chế này, trehaloza phosphorylaza theo từng và mọi khía cạnh của sáng chế, kể cả phương án bất kỳ của chúng, có mặt ở một trong số các dạng dưới đây: dung dịch lỏng, bột khô, bột đã được sấy khô ở nhiệt độ thấp, ở dạng đã được cố định.

Theo các phương án của từng và mọi khía cạnh của sáng chế, kể cả phương án bất kỳ của chúng, các định nghĩa sau được áp dụng.

Định nghĩa về tính ổn định nhiệt: tính ổn định nhiệt là khả năng của enzym chịu được quá trình bất hoạt không thuận nghịch sau khi tiếp xúc với nhiệt độ nâng cao cụ thể trong một khoảng thời gian nhất định. Hoạt tính còn lại của enzym được ủ ở nhiệt độ cao hơn trong khoảng thời gian nhất định được tính là mức tương đối của hoạt tính enzym so với mẫu của enzym mà không được ủ ở nhiệt độ cao hơn. Hoạt tính enzym có thể được xác định theo nguyên tắc bằng cách áp dụng thử nghiệm bất kỳ về hoạt tính. Nhằm mục đích sáng chế, *Thử nghiệm 1* hoặc *Thử nghiệm 2* như được bộc lộ dưới đây, được dùng theo chỉ định trong các ví dụ.

Có nhiều cách đo và mô tả tính ổn định nhiệt. Nhằm mục đích sáng chế tính ổn định nhiệt được xác định bằng cách đo và mô tả một hoặc nhiều đặc tính trong số các đặc tính dưới đây:

Trị số *Tm30*: nhằm mục đích sáng chế, trị số *Tm30* là nhiệt độ mà ở nhiệt độ đó enzym có 30% hoạt tính ban đầu của nó sau khi ủ trong thời gian 15 phút ở nhiệt độ này trong dung dịch đệm chứa 1M sucroza. Hoạt tính ban đầu là hoạt tính của enzym tương ứng không có xử lý nhiệt, tức là với 15 phút ủ ở nhiệt độ trong phòng. Hoạt tính enzym có thể được xác định theo nguyên tắc bằng cách áp dụng thử nghiệm bất kỳ về hoạt tính; nhằm mục đích sáng chế *Thử nghiệm 1* hoặc *Thử nghiệm 2* như mô tả dưới đây được áp dụng, như đã được nêu trong các ví dụ,.

Trị số *Tm50*: nhằm mục đích sáng chế, trị số *Tm50* là nhiệt độ mà ở nhiệt độ đó enzym có 50% hoạt tính ban đầu của nó sau khi ủ trong thời gian 15 phút ở nhiệt độ này

trong dung dịch đệm chứa 1M sucroza. Hoạt tính ban đầu là hoạt tính của enzym tương ứng không có xử lý nhiệt, tức là với 15 phút ủ ở nhiệt độ trong phòng. Hoạt tính enzym có thể được xác định theo nguyên tắc bằng cách áp dụng thử nghiệm bất kỳ về hoạt tính; nhằm mục đích sáng chế, *Thử nghiệm 1* hoặc *Thử nghiệm 2* như mô tả dưới đây được áp dụng, như đã được nêu trong các ví dụ.

Tính ổn định trong thời gian xử lý / thời gian bán tồn: nhằm mục đích sáng chế, tính ổn định dài hạn được xác định trong dung dịch đệm chứa 50mM kali phosphat có độ pH=7 với 1M sucroza lần lượt ở nhiệt độ 40°C hoặc 45°C, như được thể hiện trong các ví dụ. Thời gian bán tồn được xác định là khoảng thời gian mà sau đó enzym có 50% hoạt tính tại thời điểm t=0 phút. Hoạt tính enzym có thể được xác định theo nguyên tắc bằng cách áp dụng thử nghiệm bất kỳ về hoạt tính; nhằm mục đích sáng chế *Thử nghiệm 1* hoặc *Thử nghiệm 2* như mô tả dưới đây được áp dụng, như được nêu trong các ví dụ.

Định nghĩa về hoạt tính phân giải phospho và hoạt tính tổng hợp: Vì các TP xúc tác quá trình phân cắt phân giải phospho thuận nghịch đối với trehaloza, hoạt tính có thể được xác định theo hướng phân giải phospho bằng trehaloza hoặc tổng hợp. Nhằm mục đích sáng chế, hoạt tính phân giải phospho được xác định là hoạt tính để phân cắt trehaloza với sự có mặt của phosphat vô cơ thành aG1P và glucoza ở các điều kiện được mô tả dưới đây như *Thử nghiệm 1*. Hoạt tính tổng hợp được xác định là hoạt tính để tổng hợp trehaloza từ aG1P và glucoza ở các điều kiện được mô tả dưới đây như *Thử nghiệm 2*. Trong phạm vi của sáng chế này, hoạt tính bất kỳ và hoạt tính bất kỳ của trehaloza phosphorylaza là một phương án của hoạt tính xúc tác.

Thử nghiệm I: Hoạt tính phân giải phospho được thử nghiệm theo cách thông thường ở nhiệt độ 30°C bằng cách áp dụng thử nghiệm liên hợp liên tục trong đó aG1P tạo ra được từ trehaloza được chuyển hóa thành glucoza-6-phosphat nhờ phosphoglucomutaza. Glucoza-6-phosphat và NADP được chuyển hóa thành 6-phospho-gluconat và NADPH nhờ glucoza 6-phosphat đehyđrogenaza. Phát hiện dựa trên việc đo mức hấp thụ của NADPH ở 340nm. Dung dịch thử nghiệm chứa: dung dịch đệm chứa 75mM kali phosphat với độ pH=7, 2,5mM NADP, 10µM glucoza 1,6-bisphosphat, 10mM $MgCl_2$, 225mM trehaloza, 3U/ml phosphoglucomutaza và 3,4U/ml glucoza 6-phosphat đehyđrogenaza.

Thử nghiệm II: hoạt tính tổng hợp được thử nghiệm theo cách thông thường ở nhiệt độ 40°C bằng cách áp dụng các điều kiện sau: dung dịch đệm chứa 50mM natri MES với độ pH=7, nồng độ 100mM aG1P và 100 hoặc 500mM glucoza như đã định. Tiến trình phản ứng được xác định không liên tục bằng cách đo phosphat giải phóng ra theo thử nghiệm dựa trên mức độ hình thành phức với molypđat trong các điều kiện axit. Molypđat phức được khử bằng sắt (II) sulfat và tạo ra màu xanh, mà được phân tích theo phương pháp trắc quang học ở bước sóng 750nm. Để phân tích, 250µl mẫu được trộn với 250µl dung dịch HCl 0,5M và 500µl chất phản ứng molypđat (73,2g/l $Fe(II)SO_4*7H_2O$ và 10g/l amoni molypđat$*4H_2O$ trong 3,5% axit sulfuric). Sau khi ủ ở nhiệt độ trong phòng trong thời gian 15 đến 30 phút, mức độ hấp thụ được đo ở nhiệt độ 750nM. Lượng phosphat vô cơ ở mẫu này được định lượng bằng cách sử dụng chuẩn ngoài.

Định nghĩa tỷ lệ S/P: Nhằm mục đích của sáng chế, tỷ lệ S/P được xác định là tỷ lệ giữa hoạt tính phân giải phospho và hoạt tính tổng hợp đo được lần lượt theo *Thử nghiệm 1* và *Thử nghiệm 2*, bằng cách sử dụng 500mM glucoza như được bộc lộ trong các ví dụ.

Định nghĩa về tỷ lệ 100/500: nhằm mục đích sáng chế, tỷ lệ 100/500 là tỷ lệ giữa hoạt tính của một biến thể của TP bằng cách sử dụng lần lượt 100mM glucoza và hoạt tính của một biến thể của TP bằng cách sử dụng 500mM glucoza với 100mM aG1P, theo *thử nghiệm 2*. Mức tăng về tỷ lệ 100/500 của biến thể enzym so với enzym thông thường là dấu hiệu chỉ báo về trị số K_M giảm đối với glucoza.

Theo một phương án, nếu không có chỉ định trái ngược khác, hoạt tính bất kỳ, hoạt tính enzym, hoạt tính phân giải phospho và hoạt tính tổng hợp đã thể hiện hoặc sẽ được thể hiện bởi polypeptit, và tốt hơn là trehaloza phosphorylaza bất kỳ theo sáng chế, được định nghĩa và lần lượt được xác định lần lượt theo các phương pháp và các thử nghiệm được bộc lộ trong bản mô tả này.

Bảng 2: Tổng quan về định danh của các trình tự: các trehaloza phosphorylaza loại thường

SEQ ID	**Nguồn**
SEQ ID NO: 1	*S. commune* loại thường

SEQ ID NO: 80	*Hypholoma sublateritium* FD-334 SS-4 loại thường, Genbank: KJA27491.1
SEQ ID NO: 81	*Grifola frondosa* loại thường, Genbank: ADM15725
SEQ ID NO: 82	*Pleurotus ostreatus* loại thường, Genbank: KDQ33172.1
SEQ ID NO: 83	*Lentinus sajor-caju* loại thường, UniProtKB/Swiss-Prot: Q9UV63.1
SEQ ID NO: 160	*Grifola frondosa* loại thường, UniProtKB/Swiss-Prot: O75003.1
SEQ ID NO: 191	*Schizophyllum commune* H4-8, trình tự tham chiếu từ NCBI: XP_003035156.1
SEQ ID NO: 192	*Tramestes cinnabarina*, Genbank: CDO74881.1
SEQ ID NO: 193	*Hypsizygus marmoreus*, Genbank: KYQ39707.1
SEQ ID NO: 194	*Tramestes versicolor* FP-101664 SS1, trình tự tham chiếu từ NCBI: XP_008036133.1
SEQ ID NO: 195	*Pleurotus pulmonarius*, UniProtKB/Swiss-Prot: A6YRN9.1
SEQ ID NO: 196	*Agaricus bisporus var. bisporus* H97, trình tự tham chiếu từ NCBI: XP_006458503.1
SEQ ID NO: 197	*Agaricus bisporus var. burnettii* JB137-S8, trình tự tham chiếu từ NCBI: XP_007326883.1
SEQ ID NO: 198	*Laetiporus sulphureus* 93-53, Genbank: KZT11205.1
SEQ ID NO: 199	*Gloeophyllum trabeum* ATCC 11539, trình tự tham chiếu từ NCBI: XP_007863746.1
SEQ ID NO: 200	*Grifola frondosa*, Genbank: OBZ75413.1
SEQ ID NO: 201	*Tramestes pubescens*, Genbank: OJT04097.1

Bảng 3: Tổng quan về định danh trình tự: các biến thể của trehaloza phosphorylaza có trình tự SEQ ID NO:1

SEQ ID	**Nguồn**	Số vùng bảo tồn	**các đột biến đối với SEQ ID NO: 1**
SEQ ID NO: 2	biến thể của SEQ ID NO:1	1	K705N
SEQ ID NO: 3	biến thể của SEQ ID NO:1	2	P383S, L712M

SEQ ID NO: 4	biến thể của SEQ ID NO:1	2	K705N, L712M
SEQ ID NO: 5	biến thể của SEQ ID NO:1	3	V10R, A506S, L712M
SEQ ID NO: 6	biến thể của SEQ ID NO:1	4	V10R, Y220F, A506S, L712M
SEQ ID NO: 7	biến thể của SEQ ID NO:1	4	V10R, L114I, Y220F, L712M
SEQ ID NO: 8	biến thể của SEQ ID NO:1	4	Y220F, A506S, K705N, L712M
SEQ ID NO: 9	biến thể của SEQ ID NO:1	6	V10R, L114I, Y220F, A506S, K705N, L712M
SEQ ID NO: 10	biến thể của SEQ ID NO:1	2	P383V, L712M
SEQ ID NO: 11	biến thể của SEQ ID NO:1	8	L114I, I118V, P383V, Q476G, K488A, A506S, A511S, L712M
SEQ ID NO: 12	biến thể của SEQ ID NO:1	9	L114I, I118V, A304I, F349Y, G357A, P383V, A506S, A511S, L712M
SEQ ID NO: 13	biến thể của SEQ ID NO:1	7	L114I, I118V, A304I, F349Y, P383V, E481I, L712M
SEQ ID NO: 14	biến thể của SEQ ID NO:1	6	L114I, I118V, A304I, G357A, P383V, L712M
SEQ ID NO: 15	biến thể của SEQ ID NO:1	8	L114I, I118V, F349Y, G357A, P383V, E481I, K488A, L712M
SEQ ID NO: 16	biến thể của SEQ ID NO:1	8	L114I, I118V, A304I, P383V, E481I, A506S, A511S, L712M
SEQ ID NO: 17	biến thể của SEQ ID NO:1	7	L114I, I118V, P383V, K488A, A506S, A511S, L712M
SEQ ID NO: 18	biến thể của SEQ ID NO:1	9	L114I, I118V, A304I, G357A, P383V, K488A, A506S, A511S, L712M
SEQ ID NO: 19	biến thể của SEQ ID NO:1	5	L114I, I118V, P383V, E481I, L712M
SEQ ID NO: 20	biến thể của SEQ ID NO:1	7	L114I, I118V, A304I, F349Y, P383V, K488A, L712M
SEQ ID NO: 21	biến thể của SEQ ID NO:1	7	L114I, I118V, P383V, E481I, A506S, A511S, L712M
SEQ ID NO: 22	biến thể của SEQ ID NO:1	7	L114I, I118V, S192V, A304I, G357A, P383V, L712M
SEQ ID NO: 23	biến thể của SEQ ID NO:1	7	L114I, I118V, S197G, A304I, G357A, P383V, L712M
SEQ ID NO: 24	biến thể của	7	L114I, I118V, N225V, A304I, G357A, P383V,

	SEQ ID NO:1		L712M
SEQ ID NO: 25	biến thể của SEQ ID NO:1	7	L114I, I118V, A304I, D306H, G357A, P383V, L712M
SEQ ID NO: 26	biến thể của SEQ ID NO:1	7	L114I, I118V, A304I, P318H, G357A, P383V, L712M
SEQ ID NO: 27	biến thể của SEQ ID NO:1	7	L114I, I118V, A304I, T323I, G357A, P383V, L712M
SEQ ID NO: 28	biến thể của SEQ ID NO:1	7	L114I, I118V, A304I, L339I, G357A, P383V, L712M
SEQ ID NO: 29	biến thể của SEQ ID NO:1	7	L114I, I118V, A304I, F349Y, G357A, P383V, L712M
SEQ ID NO: 30	biến thể của SEQ ID NO:1	7	L114I, I118V, A304I, G357A, P383V, A459S, L712M
SEQ ID NO: 31	biến thể của SEQ ID NO:1	7	L114I, I118V, A304I, G357A, P383V, E481I, L712M
SEQ ID NO: 32	biến thể của SEQ ID NO:1	7	L114I, I118V, A304I, G357A, P383V, A484S, L712M
SEQ ID NO: 33	biến thể của SEQ ID NO:1	7	L114I, I118V, A304I, G357A, P383V, Q487V, L712M
SEQ ID NO: 34	biến thể của SEQ ID NO:1	7	L114I, I118V, A304I, G357A, P383V, Q487A, L712M
SEQ ID NO: 35	biến thể của SEQ ID NO:1	7	L114I, I118V, A304I, G357A, P383V, Q487L, L712M
SEQ ID NO: 36	biến thể của SEQ ID NO:1	7	L114I, I118V, A304I, G357A, P383V, R526E, L712M
SEQ ID NO: 37	biến thể của SEQ ID NO:1	7	L114I, I118V, A304I, G357A, P383V, E530V, L712M
SEQ ID NO: 38	biến thể của SEQ ID NO:1	7	L114I, I118V, A304I, G357A, P383V, G532R, L712M
SEQ ID NO: 39	biến thể của SEQ ID NO:1	7	L114I, I118V, A304I, G357A, P383V, D533G, L712M
SEQ ID NO: 40	biến thể của SEQ ID NO:1	7	L114I, I118V, A304I, G357A, P383V, D537M, L712M
SEQ ID NO: 41	biến thể của SEQ ID NO:1	7	L114I, I118V, A304I, G357A, P383V, V550I, L712M
SEQ ID NO: 42	biến thể của SEQ ID NO:1	7	L114I, I118V, A304I, G357A, P383V, S556T, L712M
SEQ ID NO: 43	biến thể của SEQ ID NO:1	7	L114I, I118V, A304I, G357A, P383V, T564E, L712M
SEQ ID NO: 44	biến thể của SEQ ID NO:1	7	L114I, I118V, A304I, G357A, P383V, D590N, L712M

SEQ ID NO: 45	biến thể của SEQ ID NO:1	7	L114I, I118V, A304I, G357A, P383V, D590A, L712M
SEQ ID NO: 46	biến thể của SEQ ID NO:1	7	L114I, I118V, A304I, G357A, P383V, A649E, L712M
SEQ ID NO: 47	biến thể của SEQ ID NO:1	7	L114I, I118V, A304I, G357A, P383V, R667E, L712M
SEQ ID NO: 48	biến thể của SEQ ID NO:1	7	L114I, I118V, A304I, G357A, P383V, R667K, L712M
SEQ ID NO: 49	biến thể của SEQ ID NO:1	7	L114I, I118V, A304I, G357A, P383V, A703E, L712M
SEQ ID NO: 50	biến thể của SEQ ID NO:1	9	L114I, I118V, A304I, G357A, P383V, V550I, S556T, D590N, L712M
SEQ ID NO: 51	biến thể của SEQ ID NO:1	10	L114I, I118V, N225V, A304I, G357A, P383V, Q487L, T564E, D590N, L712M
SEQ ID NO: 52	biến thể của SEQ ID NO:1	10	L114I, I118V, A304I, T323I, G357A, P383V, V550I, T564E, D590N, L712M
SEQ ID NO: 53	biến thể của SEQ ID NO:1	10	L114I, I118V, N225V, A304I, T323I, G357A, P383V, Q487L, D590N, L712M
SEQ ID NO: 54	biến thể của SEQ ID NO:1	11	L114I, I118V, N225V, A304I, G357A, P383V, Q487L, V550I, S556T, D590N, L712M
SEQ ID NO: 55	biến thể của SEQ ID NO:1	11	L114I, I118V, N225V, A304I, G357A, P383V, Q487L, V550I, T564E, D590N, L712M
SEQ ID NO: 56	biến thể của SEQ ID NO:1	11	L114I, I118V, N225V, A304I, G357A, P383V, V550I, S556T, T564E, D590N, L712M
SEQ ID NO: 57	biến thể của SEQ ID NO:1	11	L114I, I118V, N225V, A304I, G357A, P383V, V550I, T564E, D590N, A649E, L712M
SEQ ID NO: 58	biến thể của SEQ ID NO:1	11	L114I, I118V, A304I, T323I, G357A, P383V, V550I, S556T, T564E, D590N, L712M
SEQ ID NO: 59	biến thể của SEQ ID NO:1	11	L114I, I118V, A304I, T323I, G357A, P383V, Q487L, V550I, D590N, A649E, L712M
SEQ ID NO: 60	biến thể của SEQ ID NO:1	12	L114I, I118V, N225V, A304I, G357A, P383V, Q487A, V550I, S556T, T564E, D590N, L712M
SEQ ID NO: 61	biến thể của SEQ ID NO:1	12	L114I, I118V, N225V, A304I, G357A, P383V, V550I, S556T, T564E, D590N, A649E, L712M
SEQ ID NO: 62	biến thể của	12	L114I, I118V, N225V, A304I, T323I, G357A,

	SEQ ID NO:1		P383V, Q487L, V550I, T564E, D590N, L712M
SEQ ID NO: 63	biến thể của SEQ ID NO:1	12	L114I, I118V, N225V, A304I, T323I, G357A, P383V, Q487L, V550I, D590N, A649E, L712M
SEQ ID NO: 64	biến thể của SEQ ID NO:1	12	L114I, I118V, N225V, A304I, T323I, G357A, P383V, Q487A, V550I, S556T, D590N, L712M
SEQ ID NO: 65	biến thể của SEQ ID NO:1	12	L114I, I118V, N225V, A304I, T323I, G357A, P383V, V550I, S556T, T564E, D590N, L712M
SEQ ID NO: 66	biến thể của SEQ ID NO:1	12	L114I, I118V, A304I, T323I, F349Y, G357A, P383V, Q487L, V550I, D590N, A649E, L712M
SEQ ID NO: 67	biến thể của SEQ ID NO:1	12	L114I, I118V, A304I, T323I, G357A, P383V, Q487A, V550I, S556T, T564E, D590N, L712M
SEQ ID NO: 68	biến thể của SEQ ID NO:1	12	L114I, I118V, A304I, G357A, P383V, Q487A, V550I, S556T, T564E, D590N, A649E, L712M
SEQ ID NO: 69	biến thể của SEQ ID NO:1	12	L114I, I118V, A304I, G357A, P383V, Q487L, V550I, S556T, T564E, D590N, A649E, L712M
SEQ ID NO: 70	biến thể của SEQ ID NO:1	13	L114I, I118V, N225V, A304I, T323I, F349Y, G357A, P383V, V550I, S556T, D590N, A649E, L712M
SEQ ID NO: 71	biến thể của SEQ ID NO:1	13	L114I, I118V, N225V, A304I, T323I, G357A, P383V, Q487L, V550I, S556T, D590N, A649E, L712M
SEQ ID NO: 72	biến thể của SEQ ID NO:1	13	L114I, I118V, N225V, A304I, F349Y, G357A, P383V, Q487A, V550I, S556T, T564E, D590N, L712M
SEQ ID NO: 73	biến thể của SEQ ID NO:1	13	L114I, I118V, N225V, A304I, F349Y, G357A, P383V, Q487L, V550I, T564E, D590N, A649E, L712M
SEQ ID NO: 74	biến thể của SEQ ID NO:1	13	L114I, I118V, N225V, A304I, G357A, P383V, Q487L, V550I, S556T, T564E, D590N, A649E, L712M
SEQ ID NO: 75	biến thể của SEQ ID NO:1	13	L114I, I118V, N225V, A304I, G357A, P383V, Q487A, V550I, S556T, T564E, D590N, A649E, L712M

SEQ ID NO: 76	biến thể của SEQ ID NO:1	13	L114I, I118V, A304I, T323I, G357A, P383V, Q487L, V550I, S556T, T564E, D590N, A649E, L712M
SEQ ID NO: 77	biến thể của SEQ ID NO:1	13	L114I, I118V, A304I, T323I, G357A, P383V, Q487L, V550I, S556T, T564E, D590N, A649E, L712M
SEQ ID NO: 78	biến thể của SEQ ID NO:1	14	L114I, I118V, N225V, A304I, T323I, G357A, P383V, Q487A, V550I, S556T, T564E, D590N, A649E, L712M
SEQ ID NO: 79	biến thể của SEQ ID NO:1	14	L114I, I118V, N225V, A304I, T323I, G357A, P383V, Q487G, V550I, S556T, T564E, D590N, A649E, L712M
SEQ ID NO: 84	biến thể của SEQ ID NO:1	1	N225V
SEQ ID NO: 85	biến thể của SEQ ID NO:1	1	A304I
SEQ ID NO: 86	biến thể của SEQ ID NO:1	1	T323I
SEQ ID NO: 87	biến thể của SEQ ID NO:1	1	P383V
SEQ ID NO: 88	biến thể của SEQ ID NO:1	1	Q487A
SEQ ID NO: 89	biến thể của SEQ ID NO:1	1	S556T
SEQ ID NO: 90	biến thể của SEQ ID NO:1	1	T564E
SEQ ID NO: 91	biến thể của SEQ ID NO:1	1	D590N
SEQ ID NO: 92	biến thể của SEQ ID NO:1	1	N225I
SEQ ID NO: 93	biến thể của SEQ ID NO:1	1	N225L
SEQ ID NO: 94	biến thể của SEQ ID NO:1	1	N225M
SEQ ID NO: 95	biến thể của SEQ ID NO:1	1	A304L
SEQ ID NO: 96	biến thể của SEQ ID NO:1	1	T323V
SEQ ID NO: 97	biến thể của SEQ ID NO:1	1	P383A

SEQ ID NO: 98	biến thể của SEQ ID NO:1	1	P383G
SEQ ID NO: 99	biến thể của SEQ ID NO:1	1	P383M
SEQ ID NO: 100	biến thể của SEQ ID NO:1	1	P383N
SEQ ID NO: 101	biến thể của SEQ ID NO:1	1	P383C
SEQ ID NO: 102	biến thể của SEQ ID NO:1	1	P383Q
SEQ ID NO: 103	biến thể của SEQ ID NO:1	1	P383S
SEQ ID NO: 104	biến thể của SEQ ID NO:1	1	P383T
SEQ ID NO: 105	biến thể của SEQ ID NO:1	1	Q487G
SEQ ID NO: 106	biến thể của SEQ ID NO:1	1	Q487L
SEQ ID NO: 107	biến thể của SEQ ID NO:1	1	Q487M
SEQ ID NO: 108	biến thể của SEQ ID NO:1	1	V550P
SEQ ID NO: 109	biến thể của SEQ ID NO:1	1	D590G
SEQ ID NO: 110	biến thể của SEQ ID NO:1	2	I118V, P383V
SEQ ID NO: 111	biến thể của SEQ ID NO:1	2	I118V, S556T
SEQ ID NO: 112	biến thể của SEQ ID NO:1	2	I118V, T564E
SEQ ID NO: 113	biến thể của SEQ ID NO:1	2	I118V, D590N
SEQ ID NO: 114	biến thể của SEQ ID NO:1	2	N225V, A304I
SEQ ID NO: 115	biến thể của SEQ ID NO:1	2	N225V, P383V
SEQ ID NO: 116	biến thể của SEQ ID NO:1	2	N225V, Q487A
SEQ ID NO: 117	biến thể của SEQ ID NO:1	2	N225V, V550I
SEQ ID NO: 118	biến thể của	2	N225V, S556T

	SEQ ID NO:1		
SEQ ID NO: 119	biến thể của SEQ ID NO:1	2	N225V, D590N
SEQ ID NO: 120	biến thể của SEQ ID NO:1	2	A304I, T323I
SEQ ID NO: 121	biến thể của SEQ ID NO:1	2	A304I, P383V
SEQ ID NO: 122	biến thể của SEQ ID NO:1	2	A304I, Q487A
SEQ ID NO: 123	biến thể của SEQ ID NO:1	2	A304I, S556T
SEQ ID NO: 124	biến thể của SEQ ID NO:1	2	A304I, T564E
SEQ ID NO: 125	biến thể của SEQ ID NO:1	2	A304I, D590N
SEQ ID NO: 126	biến thể của SEQ ID NO:1	2	T323I, G357A
SEQ ID NO: 127	biến thể của SEQ ID NO:1	2	T323I, Q487A
SEQ ID NO: 128	biến thể của SEQ ID NO:1	2	T323I, S556T
SEQ ID NO: 129	biến thể của SEQ ID NO:1	2	T323I, T564E
SEQ ID NO: 130	biến thể của SEQ ID NO:1	2	T323I, D590N
SEQ ID NO: 131	biến thể của SEQ ID NO:1	2	T323I, A649E
SEQ ID NO: 132	biến thể của SEQ ID NO:1	2	F349Y, P383V
SEQ ID NO: 133	biến thể của SEQ ID NO:1	2	F349Y, D590N
SEQ ID NO: 134	biến thể của SEQ ID NO:1	2	G357A, P383V
SEQ ID NO: 135	biến thể của SEQ ID NO:1	2	G357A, D590N
SEQ ID NO: 136	biến thể của SEQ ID NO:1	2	P383V, Q487A
SEQ ID NO: 137	biến thể của SEQ ID NO:1	2	P383V, V550I
SEQ ID NO: 138	biến thể của SEQ ID NO:1	2	P383V, S556T

SEQ ID NO: 139	biến thể của SEQ ID NO:1	2	P383V, T564E
SEQ ID NO: 140	biến thể của SEQ ID NO:1	2	P383V, D590N
SEQ ID NO: 141	biến thể của SEQ ID NO:1	2	P383V, A649E
SEQ ID NO: 142	biến thể của SEQ ID NO:1	2	Q487A, T564E
SEQ ID NO: 143	biến thể của SEQ ID NO:1	2	Q487A, D590N
SEQ ID NO: 144	biến thể của SEQ ID NO:1	2	Q487A, A649E
SEQ ID NO: 145	biến thể của SEQ ID NO:1	2	V550I, D590N
SEQ ID NO: 146	biến thể của SEQ ID NO:1	2	S556T, T564E
SEQ ID NO: 147	biến thể của SEQ ID NO:1	2	S556T, D590N
SEQ ID NO: 148	biến thể của SEQ ID NO:1	2	S556T, A649E
SEQ ID NO: 149	biến thể của SEQ ID NO:1	2	T564E, D590N
SEQ ID NO: 150	biến thể của SEQ ID NO:1	2	T564E, L712M
SEQ ID NO: 151	biến thể của SEQ ID NO:1	2	D590N, A649E
SEQ ID NO: 152	biến thể của SEQ ID NO:1	2	D590N, L712M
SEQ ID NO: 153	biến thể của SEQ ID NO:1	2	A649E, L712M
SEQ ID NO: 154	biến thể của SEQ ID NO:1	13	L114I, N225V, A304I, T323I, G357A, P383V, Q487A, V550I, S556T, T564E, D590N, A649E, L712M
SEQ ID NO: 155	biến thể của SEQ ID NO:1	13	L114I, I118V, N225V, T323I, G357A, P383V, Q487A, V550I, S556T, T564E, D590N, A649E, L712M
SEQ ID NO: 156	biến thể của SEQ ID NO:1	13	L114I, I118V, N225V, A304I, T323I, P383V, Q487A, V550I, S556T, T564E, D590N, A649E, L712M
SEQ ID NO: 157	biến thể của SEQ ID NO:1	13	L114I, I118V, N225V, A304I, T323I, G357A, Q487A, V550I, S556T, T564E, D590N,

			A649E, L712M
SEQ ID NO: 158	biến thể của SEQ ID NO:1	13	L114I, I118V, N225V, A304I, T323I, G357A, P383V, Q487A, V550I, S556T, T564E, A649E, L712M
SEQ ID NO: 159	biến thể của SEQ ID NO:1	13	L114I, I118V, N225V, A304I, T323I, G357A, P383V, Q487A, V550I, S556T, T564E, D590N, A649E
SEQ ID NO: 190	biến thể của SEQ ID NO:1	14	L114I, I118V, N225V, A304I, T323I, G357A, P383V, Q487L, V550I, S556T, T564E, D590N, A649E, L712M

Bảng 4: Tổng quan về các định danh của trình tự: trehaloza phosphorylaza biến thể có trình tự SEQ ID NO: 160

SEQ ID	**Nguồn**	**Số đột biến ở biến thể**	**các đột biến đối với SEQ ID NO: 160**
SEQ ID NO: 161	biến thể của SEQ ID NO:160	1	L108I
SEQ ID NO: 162	biến thể của SEQ ID NO:160	1	V112I
SEQ ID NO: 163	biến thể của SEQ ID NO:160	1	N221V
SEQ ID NO: 164	biến thể của SEQ ID NO:160	1	A300I
SEQ ID NO: 165	biến thể của SEQ ID NO:160	1	T319I
SEQ ID NO: 166	biến thể của SEQ ID NO:160	1	P379V
SEQ ID NO: 167	biến thể của SEQ ID NO:160	1	S550T
SEQ ID NO: 168	biến thể của SEQ ID NO:160	1	Q558E
SEQ ID NO: 169	biến thể của SEQ ID NO:160	1	A643E
SEQ ID NO: 170	biến thể của SEQ ID NO:160	1	L707M
SEQ ID NO: 171	biến thể của SEQ ID NO:160	2	L108I, N221V
SEQ ID NO: 172	biến thể của SEQ ID NO:160	2	L108I, A300I

SEQ ID NO: 173	biến thể của SEQ ID NO:160	2	L108I, T319I
SEQ ID NO: 174	biến thể của SEQ ID NO:160	2	L108I, V483A
SEQ ID NO: 175	biến thể của SEQ ID NO:160	2	L108I, S550T
SEQ ID NO: 176	biến thể của SEQ ID NO:160	2	P379V, L108I
SEQ ID NO: 177	biến thể của SEQ ID NO:160	2	P379V, V112I
SEQ ID NO: 178	biến thể của SEQ ID NO:160	2	P379V,N221V
SEQ ID NO: 179	biến thể của SEQ ID NO:160	2	P379V,A300I
SEQ ID NO: 180	biến thể của SEQ ID NO:160	2	P379V,T319I
SEQ ID NO: 181	biến thể của SEQ ID NO:160	2	P379V, F345Y
SEQ ID NO: 182	biến thể của SEQ ID NO:160	2	P379V, V483A
SEQ ID NO: 183	biến thể của SEQ ID NO:160	2	P379V,V544I
SEQ ID NO: 184	biến thể của SEQ ID NO:160	2	P379V,S550T
SEQ ID NO: 185	biến thể của SEQ ID NO:160	3	P379V, V483A, Q558E
SEQ ID NO: 186	biến thể của SEQ ID NO:160	3	P379V, V544I, S550T
SEQ ID NO: 187	biến thể của SEQ ID NO:160	3	P379V, V544I, Q558E
SEQ ID NO: 188	biến thể của SEQ ID NO:160	3	P379V, S550T, Q558E
SEQ ID NO: 189	biến thể của SEQ ID NO:160	4	P379V, V483A, V544I, Q558E

Bảng 5: Các axit amin và các vị trí tương ứng sau khi căn thẳng với SEQ ID NO: 1 của các TP loại thường khác nhau tại các vị trí 114, 118, 225, 304, 323, 349, 383, 487, 550, 556, 564, 590, 649, 712 của SEQ ID NO: 1 (Việc căn thẳng được thực hiện bằng cách sử dụng Clustal omega (Goujon M, McWilliam H, Li W, Valentin F, Squizzato S, Paern J, Lopez R *Nucleic Acids Research* 2010 Jul, 38 Suppl: W695-9).

SEQ ID	**Nguồn**	**Genbank/Uniprot**															
SEQ ID NO: 1	*Schizophyllum commune*	ABC84380.1	Vị trí	114	118	225	304	323	349	383	487	550	556	564	590	649	712
			axit amin	L	I	N	A	T	F	P	Q	V	S	T	D	A	L
SEQ ID NO: 191	*Schizophyllum commune* H4-8	XP_003035156.1	Vị trí	114	118	225	304	323	349	383	487	550	556	564	590	649	712
			axit amin	L	I	N	A	T	F	P	Q	V	S	T	D	V	L
SEQ ID NO: 80	*Hypholoma sublateritium* FD-334 SS-4	KJA27491.1	Vị trí	70	74	183	262	281	307	341	445	509	515	523	550	609	672
			axit amin	L	V	N	A	T	F	P	T	V	S	Q	N	A	M
SEQ ID NO: 192	*Tramestes cinnabarina*	CDO74881.1	Vị trí	108	112	221	300	319	345	379	483	546	552	560	587	646	709
			axit amin	L	V	N	A	T	F	P	A	V	S	Q	N	A	M
SEQ ID NO: 193	*Hypsizygus marmoreus*	KYQ39707.1	Vị trí	2	6	115	194	213	239	273	377	438	444	452	478	537	601
			axit amin	P	S	N	L	T	F	P	V	V	S	Q	N	A	L
SEQ ID NO: 160	*Grifola frondosa*	O75003.1	Vị trí	108	112	221	300	319	345	379	483	544	550	558	584	643	707
			axit amin	L	V	N	A	T	F	P	V	V	S	Q	N	A	L
SEQ ID NO: 81	*Grifola frondosa*	ADM15725.1	Vị trí	108	112	221	300	319	345	379	483	544	550	558	584	643	707
			axit amin	L	V	N	A	T	F	P	I	V	S	Q	N	A	L
SEQ ID NO: 194	*Tramestes versicolor* FP-101664 SS1	XP_008036133.1	Vị trí	110	114	223	302	321	347	381	485	549	555	563	590	649	712
			axit amin	L	I	N	A	T	F	P	A	V	S	A	N	D	L

SEQ ID NO: 82	*Pleurotus ostreatus* PC15	KDQ33172.1	Vị trí	112	116	225	304	323	349	383	487	551	557	565	592	651	714
			axit amin	L	I	N	A	T	F	P	A	V	S	A	N	D	L
SEQ ID NO: 195	*Pleurotus pulmonarius*	A6YRN9.1	Vị trí	111	115	224	303	322	348	382	486	547	553	561	587	646	710
			axit amin	L	V	N	L	T	F	P	V	V	S	Q	N	A	L
SEQ ID NO: 196	*Agaricus bisporus var. bisporus* H97	XP_006458503.1	Vị trí	110	114	223	302	321	347	381	485	549	555	563	590	649	712
			axit amin	L	V	N	A	T	F	P	A	V	S	Q	N	E	L
SEQ ID NO: 197	*Agaricus bisporus var. burnettii* JB137-S8	XP_007326883.1	Vị trí	110	114	223	302	321	347	381	485	549	555	563	590	649	712
			axit amin	L	V	N	A	T	F	P	A	V	S	Q	N	E	L
SEQ ID NO: 198	*Laetiporus sulphureus* 93-53	KZT11205.1	Vị trí	108	112	221	300	319	345	380	484	545	551	559	585	644	708
			axit amin	L	V	N	A	T	F	P	A	V	S	A	N	E	M
SEQ ID NO: 83	*Lentinus sajor-caju* (*Pleurotus sajor-caju*)	Q9UV63.1	Vị trí	112	116	225	304	323	349	383	499	563	569	577	604	663	726
			axit amin	L	I	N	A	T	F	P	A	V	S	A	N	D	F
SEQ ID NO: 199	*Gloeophyllum trabeum* ATCC 11539	XP_007863746.1	**Vị trí**	**106**	**110**	**227**	**306**	**325**	**351**	**385**	**489**	**552**	**558**	566	592	651	715
			axit amin	L	V	N	L	T	F	P	V	V	S	G	N	E	L
SEQ ID NO: 200	*Grifola frondosa*	OBZ75413.1	Vị trí	108	112	221	300	319	345	379	483	505	511	519	545	604	668
			axit amin	L	V	N	V	T	F	P	S	V	S	Q	N	A	L
SEQ ID NO: 201	*Tramestes* pubescens	OJT04097.1	Vị trí	70	74	183			263	297	401	462	468	476	502	561	625
			axit amin	L	V	N	-	-	F	P	V	V	S	Q	N	A	L

Sáng chế sẽ được minh họa tiếp bằng các hình vẽ, các ví dụ, và danh mục trình tự mà từ đó có thể nhận được các dấu hiệu, các phương án và các ưu điểm nữa, trong đó

Hình 1 là hình vẽ dạng sơ đồ thể hiện hoạt tính còn lại theo % ở dạng hàm số của nhiệt độ đối với trehaloza phosphorylaza loại thường có trình tự SEQ ID NO: 1 khi có và khi không có 1M sucroza được bổ sung chất làm ổn định; và

Hình 2 là hình vẽ dạng sơ đồ thể hiện hoạt tính còn lại theo % ở dạng hàm số theo thời gian đối với loại thường trehaloza phosphorylaza có trình tự SEQ ID NO: 1 và các trehaloza phosphorylaza khác nhau theo sáng chế; và

Hình 3 thể hiện việc căn thẳng của các TP loại thường từ *Grifola frondosa* (UniProtKB/Swiss-Prot: số truy cập: O75003.1 và số truy cập Genebank: ADM15725.1), *Pleurotus ostreatus* (số truy cập Genebank: KDQ33172.1), *Lentinus sajor-caju* (đồng nghĩa: *Pleurotus sajor-caju*, số truy cập Genebank: Q9UV63.1). Việc căn thẳng được thực hiện bằng cách sử dụng Clustal omega (Goujon M, McWilliam H, Li W, Valentin F, Squizzato S, Paern J, Lopez R *Nucleic acids research* 2010 Jul, 38 Suppl: W695-9).

Các dấu hiệu của sáng chế đã bộc lộ trong bản mô tả này, các điểm yêu cầu bảo hộ, danh mục trình tự và/hoặc các hình vẽ có thể riêng rẽ và kết hợp theo cách bất kỳ là nguyên liệu để thực hiện sáng chế ở các dạng khác nhau của nó.

Ví dụ thực hiện sáng chế

Ví dụ 1: Các phương pháp chung

Tách dòng TP loại thường: gen trehaloza phosphorylaza từ *S. commune* được tối ưu hóa về mặt codon để biểu hiện ở *E. coli* và tổng hợp bằng Eurofins MWG Operon. Gen này được tách dòng vào vật truyền biểu hiện pLE1A17 (dẫn xuất của pRSF-1b, Novagen). Các plasmit thu được được sử dụng để biến nạp các tế bào *E. coli* BL21(DE3).

Các phương pháp sinh học phân tử: đột biến của các enzym TP được tạo ra theo công nghệ chuẩn gây đột biến định hướng điểm như đã biết trong lĩnh vực kỹ thuật này.

Biểu hiện các TP tái tổ hợp: các TP tái tổ hợp được biểu hiện theo cách thông thường bằng môi trường gây mầm I (4,6g/l chiết xuất nấm men, 9,3g/l pepton, 25mM $Na_2HPO_4*12H_2O$, 25mM KH_2PO_4, 50mM NH_4Cl_2, Na_2SO_4, 5g/l glyxerol, 0,5g/l glucoza

*1H_2O, 2mM $MgSO_4$, 50µg/ml kanamyxin) với dịch nuôi cấy mới qua đêm. Giống cấy được cho sinh trưởng ở nhiệt độ 37°C đến mật độ quang học ở nhiệt độ 600nM nằm trong khoảng từ 0,6 đến 0,8. Giống cấy được cảm ứng bằng nồng độ cuối cùng 0,1mM IPTG. Biểu hiện ở nhiệt độ 24°C đến 25°C qua đêm.

Việc điều chế các chế phẩm enzym TP: Điều chế chiết xuất không chứa tế bào được thực hiện bằng cách áp dụng các quy trình đã biết như đã được bộc lộ elsewhere. các tế bào được thu gom bằng cách ly tâm và tạo huyền phù trong dung dịch đệm chứa 50mM kali phosphat có độ pH=7, 2mM $MgCl_2$, 0,5mg/ml lysozym và 20U/ml nucleaza. 1M sucroza lần được bổ sung vào vài lần ở dạng chất làm ổn định. Việc phá vỡ tế bào được thực hiện bằng cách xử lý bằng năng lượng âm thanh hoặc các chu kỳ đông lạnh/rã đông lặp lại. Chiết xuất không chứa tế bào chứa hòa tan enzym được tách ra khỏi mảnh vỡ bằng cách ly tâm.

Đo hoạt tính: hoạt tính của trehaloza phosphorylaza có thể được xác định theo cả hai hướng phân cắt trehaloza (hoạt tính phân giải phospho) và tổng hợp (hoạt tính tổng hợp) như được bộc lộ trong Thử nghiệm I và Thử nghiệm II:

Thử nghiệm I: Hoạt tính phân giải phospho được thử nghiệm theo cách thông thường ở nhiệt độ 30°C bằng cách áp dụng thử nghiệm liên hợp liên tục trong đó aG1P tạo ra được từ trehaloza được chuyển hóa thành glucoza-6-phosphat bằng phosphoglucomutaza. Glucoza-6-phosphat và NADP được chuyển hóa thành 6-phospho-gluconat và NADPH by glucoza 6-phosphat đehyđrogenaza. Phát hiện là dựa trên việc đo mức hấp thụ của NADPH ở 340nm. Dung dịch thử nghiệm chứa: dung dịch đệm chứa 75mM kali phosphat độ pH=7, 2,5mM NADP, 10µM glucoza 1,6-bisphosphat, 10mM $MgCl_2$, 225mM trehaloza, 3U/ml phosphoglucomutaza và 3,4U/ml glucoza 6-phosphat đehyđrogenaza.

Thử nghiệm II: hoạt tính tổng hợp được thử nghiệm theo cách thông thường ở nhiệt độ 40°C bằng cách áp dụng các điều kiện sau: dung dịch đệm chứa 50mM natri MES với độ pH=7, nồng độ 100mM aG1P và 100 hoặc 500mM glucoza như đã định. Tiến trình phản ứng được xác định không liên tục bằng cách đo phosphat giải phóng ra theo thử nghiệm dựa trên sự hình thành phức với molypđạt trong các điều kiện axit. Phức

molypđat được khử bằng sắt (II) sulfat và tạo ra màu xanh, mà được phân tích theo phương pháp trắc quang học ở 750nm. Để phân tích, 250µl mẫu được trộn với 250µl dung dịch HCl 0,5M và 500µl chất phản ứng molypđat (73,2g/l $Fe(II)SO_4*7H_2O$ và 10g/l amoni molypđat$*4H_2O$ trong 3,5% axit sulfuric). Sau khi ủ ở nhiệt độ trong phòng trong thời gian 15 đến 30 phút, mức độ hấp thụ được đo ở 750nm. Lượng phosphat vô cơ trong mẫu này được định lượng bằng cách sử dụng chuẩn ngoài.

Ví dụ 2: Tác động của sucroza đến tính ổn định nhiệt

Biểu hiện các TP tái tổ hợp: enzym thông thường SEQ ID NO: 1 được thể hiện trong các bình lắc bằng môi trường gây mầm I (4,6g/l chiết xuất nấm men, 9,3g/l pepton, 25mM $Na_2HPO_4*12H_2O$, 25mM KH_2PO_4, 50mM NH_4Cl_2, Na_2SO_4, 5g/l glyxerol, 0,5g/l glucoza $*1H_2O$, 2mM $MgSO_4$, 50µg/ml kanamyxin) với dịch nuôi cấy mới qua đêm. Giống cấy được cảm ứng trong pha logarit với 0,1mM IPTG và được biểu hiện qua đêm ở nhiệt độ 24°C đến 25°C.

Chuẩn bị các chế phẩm enzym TP: để điều chế chiết xuất tế bào không dùng sucroza, các tế bào được thu gom bằng cách ly tâm và tạo huyền phù trong dung dịch đệm chứa 50mM kali phosphat có độ pH=7, 2mM $MgCl_2$, 0,5mg/ml lysozym và 20U/ml nucleaza. Các tế bào được phá vỡ bằng cách xử lý bằng năng lượng âm thanh. Chiết xuất không chứa tế bào chứa hòa tan enzym được tách ra khỏi mảnh tế bào bằng cách ly tâm. Để điều chế chiết xuất tế bào bằng sucroza ở dạng chất làm ổn định, các tế bào được thu gom bằng cách ly tâm và tạo huyền phù trong dung dịch đệm chứa 100mM kali phosphat có độ pH=7, 2mM $MgCl_2$, 0,5mg/ml lysozym và 20U/ml nucleaza. Các tế bào được phá vỡ bằng cách xử lý bằng năng lượng âm thanh. Chiết xuất không chứa tế bào chứa hòa tan enzym được tách ra khỏi mảnh tế bào bằng cách ly tâm và được pha loãng theo tỷ lệ 1:2 với dung dịch sucroza 2M.

Xác định biên dạng biến tính: 50µl phần phân ước của chế phẩm enzym có và không có 1M sucroza được ủ trong thời gian 15 phút ở nhiệt độ nằm trong khoảng từ 36°C đến 53,7°C. Protein đã bị làm biến tính được tách bằng cách ly tâm. Hoạt tính của dịch nổi thu được cũng như chiết xuất tế bào không có bước bất hoạt bởi nhiệt được xác định bằng cách áp dụng Thử nghiệm I. Hình 1 là biên dạng biến tính của SEQ ID NO: 1

có và không có 1M sucroza làm tác nhân làm ổn định thể hiện thu được hoạt tính còn lại so với các chế phẩm enzym không bất hoạt bởi nhiệt. Việc bổ sung 1M sucroza dẫn đến tăng *Tm50* trong khoảng từ 40°C đến 47,5°C. Do đó, 1M sucroza được dùng làm tác nhân làm ổn định đối với TP.

Ví dụ 3: Hoạt tính còn lại của biến thể TP sau khi ủ ở nhiệt độ 52°C trong 15 phút

Biểu hiện các TP tái tổ hợp: các TP tái tổ hợp được biểu hiện ở các đĩa có lỗ sâu bằng môi trường gây mầm I (4,6g/l chiết xuất nấm men, 9,3g/l pepton, 25mM Na_2HPO_4*$12H_2O$, 25mM KH_2PO_4, 50mM NH_4Cl_2, Na_2SO_4, 5g/l glyxerol, 0,5g/l glucoza *$1H_2O$, 2mM $MgSO_4$, 50µg/ml kanamyxin) với dịch nuôi cấy mới qua đêm. Giống cấy được cho sinh trưởng ở nhiệt độ 37°C đến mật độ quang học ở 600nm nằm trong khoảng 0,6 đến 0,8. Giống cấy được cảm ứng bằng 0,1mM IPTG nồng độ cuối cùng. Biểu hiện ở nhiệt độ nằm trong khoảng từ 24°C đến 25°C qua đêm.

Điều chế các chế phẩm enzym TP: các tế bào được thu gom bằng cách ly tâm và tạo huyền phù trong dung dịch đệm chứa 100mM kali phosphat với độ pH=7, 2mM $MgCl_2$, 0,5mg/ml lysozym và 20U/ml nucleaza. Các tế bào bị phá vỡ bằng các chu kỳ đông lạnh/rã đông lặp lại. Chiết xuất không chứa tế bào chứa enzym hòa tan được tách ra khỏi mảnh tế bào bằng cách ly tâm. Chiết xuất không chứa tế bào được pha loãng 1:2 với dung dịch sucroza 2M.

Bất hoạt bởi nhiệt và đo hoạt tính: 50µl phần phân ước của từng TP được ủ ở nhiệt độ 52°C trong thời gian 15 phút. Protein đã bị làm biến tính được tách bằng cách ly tâm. Hoạt tính của dịch nổi được xác định bằng cách áp dụng Thử nghiệm II với 500mM glucoza. Phần phân ước khác của từng TP được thử nghiệm một cách trực tiếp về hoạt tính mà không bất hoạt bởi nhiệt bằng cách áp dụng Thử nghiệm II với 500mM glucoza. Hoạt tính còn lại thu được được liệt kê trong Bảng 6. Tất cả các biến thể thể hiện hoạt tính còn lại cao hơn enzym thông thường mà có nghĩa là chúng có mức độ ổn định tốt hơn nhiệt so với thông thường.

Bảng 6: hoạt tính còn lại của các biến thể TP sau khi ủ ở nhiệt độ 52°C trong 15 phút

SEQ ID	Hoạt tính còn lại tính theo % sau 15 phút ủ ở nhiệt độ 52°C [%]
SEQ ID NO: 1	19
SEQ ID NO: 2	30
SEQ ID NO: 3	64
SEQ ID NO: 4	30
SEQ ID NO: 5	39
SEQ ID NO: 6	54
SEQ ID NO: 7	55
SEQ ID NO: 8	42
SEQ ID NO: 9	63
SEQ ID NO: 10	68
SEQ ID NO: 11	39
SEQ ID NO: 12	55
SEQ ID NO: 13	61
SEQ ID NO: 14	30
SEQ ID NO: 15	75
SEQ ID NO: 16	43
SEQ ID NO: 17	50
SEQ ID NO: 18	41
SEQ ID NO: 19	48
SEQ ID NO: 20	75
SEQ ID NO: 21	52
SEQ ID NO: 22	37
SEQ ID NO: 23	36
SEQ ID NO: 24	47
SEQ ID NO: 25	41
SEQ ID NO: 26	45
SEQ ID NO: 27	42
SEQ ID NO: 28	31
SEQ ID NO: 29	55
SEQ ID NO: 30	38
SEQ ID NO: 31	33
SEQ ID NO: 32	39
SEQ ID NO: 33	31
SEQ ID NO: 34	53
SEQ ID NO: 35	51
SEQ ID NO: 36	34

SEQ ID NO: 37	37
SEQ ID NO: 38	39
SEQ ID NO: 39	35
SEQ ID NO: 40	46
SEQ ID NO: 41	51
SEQ ID NO: 42	43
SEQ ID NO: 43	42
SEQ ID NO: 44	55
SEQ ID NO: 45	32
SEQ ID NO: 46	43
SEQ ID NO: 47	41
SEQ ID NO: 48	35
SEQ ID NO: 49	53
SEQ ID NO: 50	96
SEQ ID NO: 51	106
SEQ ID NO: 52	99
SEQ ID NO: 53	105
SEQ ID NO: 54	105
SEQ ID NO: 55	77
SEQ ID NO: 56	106
SEQ ID NO: 57	84
SEQ ID NO: 58	88
SEQ ID NO: 59	86
SEQ ID NO: 60	113
SEQ ID NO: 61	117
SEQ ID NO: 62	101
SEQ ID NO: 63	79
SEQ ID NO: 64	101
SEQ ID NO: 65	99
SEQ ID NO: 66	105
SEQ ID NO: 67	99
SEQ ID NO: 68	92
SEQ ID NO: 69	104
SEQ ID NO: 70	76
SEQ ID NO: 71	97
SEQ ID NO: 72	90
SEQ ID NO: 73	105
SEQ ID NO: 74	108
SEQ ID NO: 75	107

SEQ ID NO: 76	97
SEQ ID NO: 78	109
SEQ ID NO: 79	97
SEQ ID NO: 84	29
SEQ ID NO: 85	23
SEQ ID NO: 86	28
SEQ ID NO: 87	38
SEQ ID NO: 88	38
SEQ ID NO: 89	42
SEQ ID NO: 90	28
SEQ ID NO: 91	40
SEQ ID NO: 92	25
SEQ ID NO: 93	35
SEQ ID NO: 94	31
SEQ ID NO: 95	35
SEQ ID NO: 96	29
SEQ ID NO: 97	38
SEQ ID NO: 98	64
SEQ ID NO: 99	22
SEQ ID NO: 100	22
SEQ ID NO: 101	54
SEQ ID NO: 102	26
SEQ ID NO: 103	41
SEQ ID NO: 104	78
SEQ ID NO: 105	33
SEQ ID NO: 106	29
SEQ ID NO: 107	30
SEQ ID NO: 108	26
SEQ ID NO: 109	33
SEQ ID NO: 110	56
SEQ ID NO: 111	43
SEQ ID NO: 112	25
SEQ ID NO: 113	63
SEQ ID NO: 114	32
SEQ ID NO: 115	72
SEQ ID NO: 116	24
SEQ ID NO: 117	37
SEQ ID NO: 118	25
SEQ ID NO: 119	32

SEQ ID NO: 120	29
SEQ ID NO: 121	72
SEQ ID NO: 122	27
SEQ ID NO: 123	32
SEQ ID NO: 124	27
SEQ ID NO: 125	55
SEQ ID NO: 126	25
SEQ ID NO: 127	23
SEQ ID NO: 128	30
SEQ ID NO: 129	23
SEQ ID NO: 130	51
SEQ ID NO: 131	31
SEQ ID NO: 132	64
SEQ ID NO: 133	67
SEQ ID NO: 134	61
SEQ ID NO: 135	59
SEQ ID NO: 136	63
SEQ ID NO: 137	56
SEQ ID NO: 138	70
SEQ ID NO: 139	62
SEQ ID NO: 140	69
SEQ ID NO: 141	62
SEQ ID NO: 142	26
SEQ ID NO: 143	28
SEQ ID NO: 144	23
SEQ ID NO: 145	29
SEQ ID NO: 146	34
SEQ ID NO: 147	55
SEQ ID NO: 148	26
SEQ ID NO: 149	43
SEQ ID NO: 150	34
SEQ ID NO: 151	40
SEQ ID NO: 152	56
SEQ ID NO: 153	26
SEQ ID NO: 154	81
SEQ ID NO: 155	68
SEQ ID NO: 156	94
SEQ ID NO: 157	69
SEQ ID NO: 158	74

SEQ ID NO: 159	87
SEQ ID NO: 190	100

Ví dụ 4: Tỷ lệ 100/500 của các biến thể TP

Chiết xuất tế bào của các biến thể TP được điều chế theo cách đã được mô tả ở ví dụ, 2. Hoạt tính được xác định lần lượt bằng cách áp dụng Thử nghiệm II với 500mM glucoza và Thử nghiệm II với 100mM glucoza, và tỷ lệ 100/500 của từng biến thể được tính. Tỷ lệ 100/500 thu được được liệt kê trong Bảng 7. Như có thể thấy, một số biến thể thể hiện, ngoài mức độ ổn định nhiệt tốt hơn, tỷ lệ 100/500 còn cao hơn nữa so với thông thường. Đây là chỉ báo về trị số Km tốt hơn đối với glucoza.

Bảng 7: tỷ lệ 100/500 của các biến thể TP

SEQ ID	**Tỷ lệ 100/500**
SEQ ID NO: 1	0,6
SEQ ID NO: 5	0,7
SEQ ID NO: 6	0,8
SEQ ID NO: 8	0,7
SEQ ID NO: 22	0,7
SEQ ID NO: 24	0,8
SEQ ID NO: 26	0,7
SEQ ID NO: 27	0,9
SEQ ID NO: 29	0,7
SEQ ID NO: 34	0,7
SEQ ID NO: 36	0,7
SEQ ID NO: 37	0,9
SEQ ID NO: 38	0,8
SEQ ID NO: 41	1,0
SEQ ID NO: 42	0,8
SEQ ID NO: 52	0,8
SEQ ID NO: 53	0,9
SEQ ID NO: 56	0,7

SEQ ID NO: 57	0,9
SEQ ID NO: 60	1,0
SEQ ID NO: 61	1,0
SEQ ID NO: 62	0,8
SEQ ID NO: 63	0,9
SEQ ID NO: 64	0,8
SEQ ID NO: 65	0,8
SEQ ID NO: 66	0,9
SEQ ID NO: 68	0,7
SEQ ID NO: 69	0,7
SEQ ID NO: 75	0,9
SEQ ID NO: 76	0,7
SEQ ID NO: 190	0,9

Ví dụ 5: Biên dạng biến tính của các biến thể TP

14 biến thể TP, mà đã thể hiện cải thiện về mức độ ổn định nhiệt trong ví dụ 3, được chọn lọc để xác định các trị số *Tm30* và *Tm50* của chúng. Các biên dạng biến tính được xác định trong dung dịch đệm chứa 50mM kali phosphat có độ pH=7 chứa 1M sucroza như được mô tả trong ví dụ 2. Các trị số *Tm30* và *Tm50* dưới đây được ngoại suy từ các biên dạng biến tính:

Bảng 8: Các trị số *Tm30*- và *Tm50* của các biến thể TP trong dung dịch đệm chứa 50mM kali phosphat có độ pH=7 chứa 1M sucroza

SEQ ID	Trị số *Tm30*	Trị số *Tm50*
SEQ ID NO: 1	49,5	47,5
SEQ ID NO: 44	53,5	52
SEQ ID NO: 50	54,5	53,5
SEQ ID NO: 54	55,5	54,5
SEQ ID NO: 57	55,5	54,5

SEQ ID NO: 58	56	54,5
SEQ ID NO: 62	57,5	56
SEQ ID NO: 64	57,5	56
SEQ ID NO: 65	57,5	56
SEQ ID NO: 71	57	56
SEQ ID NO: 72	58	56,5
SEQ ID NO: 73	58,5	57,5
SEQ ID NO: 74	57,5	56
SEQ ID NO: 78	58	56
SEQ ID NO: 79	57,5	56

Ví dụ 6: Tỷ lệ S/P

Enzym thông thường và 23 biến thể TP được chọn lọc để xác định tỷ lệ S/P. Chiết xuất tế bàos được điều chế theo cách đã được mô tả ở ví dụ, 2. hoạt tính được xác định theo hướng phân giải phospho bằng trehaloza (thử nghiệm I) và tổng hợp trehaloza (thử nghiệm II, 500mM glucoza). Tỷ lệ giữa hoạt tính tổng hợp và hoạt tính phân giải phospho (tỷ lệ S/P) bằng 0,3 đối với các enzym thông thường, mà có nghĩa là enzym thể hiện tốc độ phản ứng cao hơn theo hướng phân cắt trehaloza. Tất cả các biến thể TP đã được thử đều thể hiện tỷ lệ S/P cao hơn 0,3. Các SEQ ID NO: 42 và SEQ ID NO: 53 thể hiện mức cải thiện cao nhất với tỷ lệ S/P gấp 3 lần so với enzym thông thường.

Bảng 9: tỷ lệ S/P

SEQ ID	**Tỷ lệ S/P**
SEQ ID NO: 1	0,3
SEQ ID NO: 14	0,5
SEQ ID NO: 24	0,4
SEQ ID NO: 27	0,5
SEQ ID NO: 29	0,7
SEQ ID NO: 34	0,6
SEQ ID NO: 41	0,5

SEQ ID NO: 42	0,9
SEQ ID NO: 43	0,9
SEQ ID NO: 44	0,5
SEQ ID NO: 46	0,8
SEQ ID NO: 50	0,6
SEQ ID NO: 54	0,5
SEQ ID NO: 57	0,4
SEQ ID NO: 58	0,5
SEQ ID NO: 62	0,5
SEQ ID NO: 64	0,5
SEQ ID NO: 65	0,5
SEQ ID NO: 71	0,5
SEQ ID NO: 72	0,5
SEQ ID NO: 73	0,6
SEQ ID NO: 74	0,5
SEQ ID NO: 78	0,5
SEQ ID NO: 79	0,5

Ví dụ 7: Tính ổn định trong quá trình xử lý ở nhiệt độ 45°C

Mức độ ổn định trong quá trình xử lý của enzym thông thường và các biến thể TP SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 44, SEQ ID NO: 62, SEQ ID NO: 64, SEQ ID NO: 65 và SEQ ID NO: 78 được xác định ở nhiệt độ 45°C trong dung dịch đệm chứa 50mM kali phosphat độ pH=7 chứa 1M sucroza. Các chiết xuất tế bào được điều chế theo cách đã được mô tả ở ví dụ, 2. Các mẫu được ủ ở nhiệt độ 45°C trong thời gian 16 ngày. Các mẫu được lấy sau một khoảng thời gian và hoạt tính được đo bằng cách áp dụng Thử nghiệm I. Các kết quả được thể hiện trên Hình 2. SEQ ID NO: 1 thể hiện hao hụt nhanh hoạt tính trong vòng 3 giờ đầu tiên và thời gian bán tồn khoảng 1 giờ. Như được kỳ vọng từ các trị số *Tm50*, các biến thể mới thể hiện mức độ ổn định trong quá trình xử lý cải thiện đáng kể. SEQ ID NO: 62, SEQ ID NO: 65 và SEQ ID NO: 78 thể hiện mức độ cải thiện cao nhất với thời gian bán tồn khoảng 8,8 ngày. Đây là mức cải thiện 200 lần so với enzym thông thường.

Ví dụ 8: các enzym TP thay thế khác

Khả năng để xác định các enzym thông thường thay thế khác mà có hoạt tính trehaloza phosphorylaza là so sánh các trehaloza phosphorylaza đã biết với các trình tự đã được gửi lưu ở các cơ sở dữ liệu trình tự, như GenBank. Để xác định các enzym TP thay thế khác, SEQ ID NO:1 được làm cùn theo cơ sở dữ liệu không thừa của GenBank (NCBI). Các trehaloza phosphorylaza khác có thể được chọn trong số các trình tự của cơ sở dữ liệu mà có mức độ tương tự cao về trình tự với SEQ ID: 1, như trehaloza phosphorylaza được cho là từ *Hypholoma sublateritium* FD-334 SS-4 (mã số truy cập Genbank: KJA27491.1) hoặc các trehaloza phosphorylaza đã được xác định đặc điểm về mặt chức năng như các enzym từ *Lentinus sajor-caju* (mã số truy cập Genbank: Q9UV63.1), *Grifola frondosa* (mã số truy cập Genbank: O75003.1 hoặc ADM15725.1) hoặc *Pleurotus ostreatus* (mã số truy cập Genbank: KDQ33172.1). Trình tự của bốn enzym này được căn thẳng với SEQ ID NO: 1 trên Hình 3.

Các biến thể của các trehaloza phosphorylaza thông thường thay thế khác được tạo ra bằng cách áp dụng các phương pháp nêu trong ví dụ 1. Các biến thể chứa một hoặc nhiều đột biến ở vị trí tương ứng với L114, I118, G357, P383, N225, A304, T323, S556, T564, A649 và L712 trong trình tự SEQ ID NO:1. Các biến thể được thử nghiệm về mức độ ổn định tốt hơn nhiệt như được mô tả trong ví dụ 3. Bước làm bất hoạt bởi nhiệt được thực hiện ở nhiệt độ mà ở nhiệt độ đó loại thông thường tương ứng giữ khoảng 20% hoạt tính còn lại sau khi ủ trong thời gian 15 phút. Kỳ vọng rằng các biến thể mới sẽ thể hiện mức độ cải thiện tương tự đối với các biến thể trong ví dụ 3. Các đột biến khác nữa tương ứng với vị trí L114, I118, G357, P383, N225, A304, T323, F349, Q487, V550, S556, T564, A649 và L712 trong trình tự SEQ ID NO:1 có thể được bổ sung vào. Kỳ vọng rằng bổ sung một hoặc nhiều đột biến này sẽ dẫn đến cải thiện hơn nữa về mức độ ổn định nhiệt.

Bảng 10: hoạt tính còn lại sau khi ủ ở 52,5°C trong thời gian 15 phút

SEQ ID	**Hoạt tính còn lại tính theo % sau 15 phút ủ ở 52,5°C [%]**
SEQ ID NO: 160	9

SEQ ID NO: 161	14
SEQ ID NO: 162	22
SEQ ID NO: 163	33
SEQ ID NO: 164	26
SEQ ID NO: 165	37
SEQ ID NO: 166	37
SEQ ID NO: 167	20
SEQ ID NO: 168	34
SEQ ID NO: 169	12
SEQ ID NO: 170	15
SEQ ID NO: 171	37
SEQ ID NO: 172	29
SEQ ID NO: 173	42
SEQ ID NO: 174	12
SEQ ID NO: 175	25
SEQ ID NO: 176	57
SEQ ID NO: 177	42
SEQ ID NO: 178	56
SEQ ID NO: 179	38
SEQ ID NO: 180	74
SEQ ID NO: 181	16
SEQ ID NO: 182	28
SEQ ID NO: 183	21
SEQ ID NO: 184	43
SEQ ID NO: 185	58
SEQ ID NO: 186	42
SEQ ID NO: 187	49
SEQ ID NO: 188	70
SEQ ID NO: 189	41

YÊU CẦU BẢO HỘ

1. Trehaloza phosphorylaza chứa trình tự axit amin, trong đó trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza đồng nhất ít nhất là 80% với và/hoặc tương đồng ít nhất là 80% với trình tự axit amin của SEQ ID NO: 1, trong đó trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza chứa thay thế axit amin tại một hoặc nhiều vị trí axit amin, trong đó

(a) một hoặc nhiều vị trí axit amin được chọn từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin 712, 383, 10, 114, 118, 192, 197, 220, 225, 304, 306, 318, 323, 339, 349, 357, 459, 476, 481, 484, 487, 488, 506, 511, 526, 530, 532, 533, 537, 550, 556, 564, 590, 649, 667, 703 và 705 của SEQ ID NO: 1,

(b) khi thay thế axit amin chứa thay thế tại vị trí axit amin 649, thì thay thế axit amin tại vị trí 649 được chọn từ nhóm bao gồm các thay thế 649D và 649E, và

(c) khi thay thế axit amin chứa thay thế tại vị trí axit amin 10, thì thay thế axit amin tại vị trí 10 được chọn từ nhóm bao gồm các thay thế V10R và V10H.

2. Trehaloza phosphorylaza theo điểm 1, trong đó một hoặc nhiều vị trí axit amin được chọn từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin 712, 383, 114, 118, 192, 197, 220, 225, 304, 306, 318, 323, 339, 349, 357, 459, 476, 481, 484, 487, 488, 506, 511, 526, 530, 532, 533, 537, 550, 556, 564, 590, 667, 703 và 705 của SEQ ID NO: 1.

3. Trehaloza phosphorylaza theo điểm 1, trong đó một hoặc nhiều vị trí axit amin được chọn từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin 383, 225, 304, 323, 487, 550, 556, 564, 590, và 705 của SEQ ID NO: 1.

4. Trehaloza phosphorylaza theo điểm 1, trong đó một hoặc nhiều vị trí axit amin is tại vị trí axit amin 383 của SEQ ID NO: 1.

5. Trehaloza phosphorylaza theo điểm 1, trong đó một hoặc nhiều vị trí axit amin được chọn từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin L712M, P383G, P383V, P383C, P383S, P383T, V10R, L14I, I118V, S192V, S197G, Y220F, N225I, N225L, N225M, N225V, A304L, A304I, D306H, P318H, T323I, T323V, L339I, F349Y, G357A, A459S, Q476G, E481I, A484S, 487A, Q487G, Q487L, Q487M, Q487V, K488A, A506S, A511S, R526E, E530V, G532R, D533G, D537M,

V550I, V550P, S556T, T564E, D590N, D590G, D590A, A649E, R667E, R667K, A703E, và K705N của SEQ ID NO: 1.

6. Trehaloza phosphorylaza theo điểm 1, trong đó một hoặc nhiều vị trí axit amin được chọn từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin P383G, P383V, P383C, P383S, P383T, V10R, L14I, S192V, S197G, N225I, N225L, N225M, N225V, A304L, A304I, D306H, P318H, T323I, T323V, L339I, F349Y, G357A, A459S, Q476G, E481I, A484SQ487G, Q487L, Q487M, Q487V, K488A, A506S, A511S, R526E, E530V, G532R, D533G, D537M, V550I, V550P, S556T, T564E, D590G, D590A, A649E, R667E, R667K, A703E, và K705N của SEQ ID NO: 1.

7. Trehaloza phosphorylaza theo điểm 1, trong đó trehaloza phosphorylaza chứa thay thế axit amin tại hai hoặc nhiều vị trí axit amin, trong đó hai hoặc nhiều vị trí axit amin được chọn từ nhóm bao gồm 10 và 114, 10 và 712, 114 và 118, 114 và 304, 114 và 357, 114 và 383, 114 và 590,114 và 712, 118 và 304, 118 và 357, 118 và 383, 118 và 556, 118 và 564, 118 và 590, 118 và 712, 225 và 304, 225 và 383, 225 và 487, 225 và 550, 225 và 556, 225 và 590, 304 và 323, 304 và 357, 304 và 383, 304 và 487, 304 và 556, 304 và 564, 304 và 590, 304 và 712, 323 và 357, 323 và 487, 323 và 556, 323 và 564, 323 và 590, 323 và 649, 349 và 383, 349 và 590, 357 và 383, 357 và 590, 357 và 705, 357 và 712, 383 và 487, 383 và 550, 383 và 556, 383 và 564, 383 và 590, 383 và 649, 383 và 712, 487 và 564, 487 và 590, 487 và 649, 550 và 590, 556 và 564, 556 và 590, 556 và 649, 564 và 590, 564 và 712, 590 và 649, 590 và 712, và 649 và 712.

8. Trehaloza phosphorylaza theo điểm 1, trong đó trehaloza phosphorylaza chứa thay thế axit amin tại hai hoặc nhiều vị trí axit amin, trong đó hai hoặc nhiều vị trí axit amin được chọn từ nhóm bao gồm 118 và 383, 118 và 556, 118 và 564, 118 và 590, 225 và 304, 225 và 383, 225 và 487, 225 và 550, 225 và 556, 225 và 590, 304 và 323, 304 và 383, 304 và 487, 304 và 556, 304 và 564, 304 và 590, 323 và 357, 323 và 487, 323 và 556, 323 và 564, 323 và 590, 323 và 649, 349 và 383, 349 và 590, 357 và 383, 357 và 590, 383 và 487, 383 và 550, 383 và 556, 383 và 564, 383 và 590, 383 và 649, 383 và 712, 487 và 564, 487 và 590, 487 và 649, 550 và 590, 556 và 564, 556 và 590, 556 và 649, 564 và 590, 564 và 712, 590 và 649, 590 và 712, 649 và 712, và 705 và 712.

9. Trehaloza phosphorylaza theo điểm 1, trong đó trehaloza phosphorylaza chứa thay thế axit amin tại hai hoặc nhiều vị trí axit amin, trong đó hai hoặc nhiều vị trí axit amin được chọn từ nhóm bao gồm 118 và 383, 118 và 590, 225 và 383, 225 và 590, 304 và 383, 304 và 590, 323 và

590, 349 và 383, 349 và 590, 357 và 383, 357 và 590, 383 và 487, 383 và 550, 383 và 556, 383 và 564, 383 và 590, 383 và 649, 383 và 712, 487 và 590, 550 và 590, 556 và 590, 564 và 590, 590 và 649, 590 và 712.

10. Trehaloza phosphorylaza theo điểm 1, trong đó trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza chứa một hoặc nhiều thay thế, trong đó một hoặc nhiều thay thế này được chọn từ nhóm bao gồm

thay thế axit amin tại vị trí 712 của SEQ ID NO: 1 với thay thế là L712A, L712G, L712, L712M, L712P hoặc L712V;

thay thế axit amin tại vị trí 383 của SEQ ID NO: 1 với thay thế là P383A, P383G, P383, P383L, P383M, P383V, P383N, P383C, P383Q, P383S hoặc P383T;

thay thế axit amin tại vị trí 10 của SEQ ID NO: 1 với thay thế là V10R hoặc V10H;

thay thế axit amin tại vị trí 114 của SEQ ID NO: 1 với thay thế là L114A, L114G, L114I, L114M, L114P hoặc L114V;

thay thế axit amin tại vị trí 118 của SEQ ID NO: 1 với thay thế là I118A, I118G, I118L, I118M, I118P hoặc I118V;

thay thế axit amin tại vị trí 192 của SEQ ID NO: 1 với thay thế là S92A, S192G, S192I, S192L, S192M, S192P hoặc S192V;

thay thế axit amin tại vị trí 197 của SEQ ID NO: 1 với thay thế là S97A, S197G, S197I, S197L, S197M, S197P hoặc S197V;

thay thế axit amin tại vị trí 220 của SEQ ID NO: 1 với thay thế là Y220F hoặc Y220W;

thay thế axit amin tại vị trí 225 của SEQ ID NO: 1 với thay thế là N225A, N225G, N225I, N225L, N225M, N225P hoặc N225V;

thay thế axit amin tại vị trí 304 của SEQ ID NO: 1 với thay thế là A304G, A304I, A304L, A304M, A304P hoặc A304V;

thay thế axit amin tại vị trí 306 của SEQ ID NO: 1 với thay thế là D306R, D306H hoặc D306K;

thay thế axit amin tại vị trí 318 của SEQ ID NO: 1 với thay thế là P318R, P318H hoặc P318K;

thay thế axit amin tại vị trí 323 của SEQ ID NO: 1 với thay thế là T323A, T323G, T323I, T323L, T323M, T323P, hoặc T323V;

thay thế axit amin tại vị trí 339 của SEQ ID NO: 1 với thay thế là L339A, L339G, L339I, L339M, L339P hoặc L339V;

thay thế axit amin tại vị trí 349 của SEQ ID NO: 1 với thay thế là F349W hoặc F349Y;

thay thế axit amin tại vị trí 357 của SEQ ID NO: 1 với thay thế là G357A, G357I, G357L, G357M, G357P hoặc G357V;

thay thế axit amin tại vị trí 459 của SEQ ID NO: 1 với thay thế là A459N, A459C, A459Q hoặc A459S, A459T;

thay thế axit amin tại vị trí 476 của SEQ ID NO: 1 với thay thế là Q476A, Q476G, Q476I, Q476L, Q476M, Q476P hoặc Q476V;

thay thế axit amin tại vị trí 481 của SEQ ID NO: 1 với thay thế là E481A, E481G, E481, E481L, E481M, E481P hoặc E481V;

thay thế axit amin tại vị trí 484 của SEQ ID NO: 1 với thay thế là A484N, A484C, A484Q, A484S hoặc A484T;

thay thế axit amin tại vị trí 487 của SEQ ID NO: 1 với thay thế là Q487A, Q487G, Q487I, Q487L, Q487M, Q487P hoặc Q487V;

thay thế axit amin tại vị trí 488 của SEQ ID NO: 1 với thay thế là K488A, K488G, K488I, K488L, K488M, K488P hoặc K488V;

thay thế axit amin tại vị trí 506 của SEQ ID NO: 1 với thay thế là A506N, A506C, A506Q, A506S hoặc A506T;

thay thế axit amin tại vị trí A511 của SEQ ID NO: 1 với thay thế là A511N, A511C, A511Q, A511S hoặc A511T;

thay thế axit amin tại vị trí 526 của SEQ ID NO: 1 với thay thế là R526D hoặc R526E;

thay thế axit amin tại vị trí 530 của SEQ ID NO: 1 với thay thế là E530A, E530G, E530, E530L, E530M, E530P, hoặc E530V;

thay thế axit amin tại vị trí 532 của SEQ ID NO: 1 với thay thế là G532R, G532H hoặc G532K;

thay thế axit amin tại vị trí 533 của SEQ ID NO: 1 với thay thế là D533A, D533G, D533, D533L, D533M, D533P hoặc D533V;

thay thế axit amin tại vị trí 537 của SEQ ID NO: 1 với thay thế là D537A, D537G, D537, D537L, D537M, D537P hoặc D537V;

thay thế axit amin tại vị trí 550 của SEQ ID NO: 1 với thay thế là V550A, V550G, V550I, V550L, V550M hoặc V550P;

thay thế axit amin tại vị trí 556 của SEQ ID NO: 1 với thay thế là S556N, S556C, S556Q hoặc S556T;

thay thế axit amin tại vị trí 564 của SEQ ID NO: 1 với thay thế là T564D hoặc T564E;

thay thế axit amin tại vị trí 590 của SEQ ID NO: 1 với thay thế là D590N, D590C, D590Q, D590S, D590T, D590A, D590G, D590I, D590L, D590M, D590P hoặc D590V;

thay thế axit amin tại vị trí 649 của SEQ ID NO: 1 với thay thế là A649D hoặc A649E;
thay thế axit amin tại vị trí 667 của SEQ ID NO: 1 với thay thế là R667D, R667E, R667R, R667H hoặc R667K;
thay thế axit amin tại vị trí 703 của SEQ ID NO: 1 với thay thế là A703D hoặc A703E; và
thay thế axit amin tại vị trí 705 của SEQ ID NO: 1 với thay thế là K705N, K705C, K705Q, K705S hoặc K705T.

11. Trehaloza phosphorylaza theo điểm 1, trong đó trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza chứa

(a) thay thế axit amin tại ba vị trí axit amin 383, 556, và 590 của SEQ ID NO: 1;

(b) thay thế axit amin tại bốn vị trí axit amin 712, 383, 114 và 118 của SEQ ID NO: 1; và/hoặc 383, 487, 556, và 590 của SEQ ID NO: 1; và/hoặc 383, 225, 556, và 590 của SEQ ID NO: 1;

(c) thay thế axit amin tại năm vị trí axit amin 712, 383, 114, 1118 và 304 của SEQ ID NO: 1; và/hoặc 712, 383, 114, 118 và 357 của SEQ ID NO: 1; và/hoặc 383, 225, 304, 556, và 590 của SEQ ID NO: 1; và/hoặc 383, 225, 487, 556, và 590 của SEQ ID NO: 1; hoặc

(d) thay thế axit amin tại sáu vị trí axit amin 712, 383, 114, 118, 304 và 357 của SEQ ID NO: 1; và/hoặc 383, 225, 304, 487, 556, và 590 của SEQ ID NO: 1.

12. Trehaloza phosphorylaza theo điểm 1, trong đó mức độ đồng nhất về trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza với trình tự axit amin của SEQ ID NO: 1 ít nhất là 81%.

13. Trehaloza phosphorylaza theo điểm 1, trong đó trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza chứa hoặc chứa trình tự axit amin bất kỳ trong số các trình tự axit amin SEQ ID NO: 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 56, 57, 58, 59, 60, 61, 62, 63, 64, 65, 66, 67, 68, 69, 70, 71, 72, 73, 74, 75, 76, 77, 78, 79, 87, 88, 89, 91, 93, 94, 95, 97, 98, 101, 103, 104, 105, 107, 109, 110, 111, 113, 114, 115, 117, 119, 121, 123, 125, 128, 130, 131, 132, 133, 134, 135, 136, 137, 138, 139, 140, 141, 146, 147, 149, 150, 151, 152, 154, 155, 156, 157, 158, 159, hoặc 190.

14. Trehaloza phosphorylaza theo điểm 1, trong đó trehaloza phosphorylaza có khả năng xúc tác quy trình chuyển hóa glucoza và alpha-D-glucoza-1 phosphat thành trehaloza và phosphat vô cơ và/hoặc

chuyển hóa trehaloza và phosphat vô cơ thành glucoza và alpha-D-glucoza-1 phosphat.

15. Trehaloza phosphorylaza theo điểm 1, trong đó trehaloza phosphorylaza, có ít nhất là một trong số các đặc tính (A), (B), (C), (D) và (E), hoặc tổ hợp bất kỳ của chúng,
trong đó
đặc tính (A) là tính bền nhiệt sau khi ủ ở nhiệt độ 52°C trong thời gian 15 phút xác định được theo mức hoạt tính còn lại nằm trong khoảng từ 30% đến 100%;
đặc tính (B) là tính bền nhiệt sau khi ủ ở nhiệt độ 52°C trong thời gian 15 phút mà được đặc trưng bởi

i) trị số Tm30 ít nhất là 52°C, và/hoặc

ii) trị số Tm50 ít nhất là 52°C;

đặc tính (C) là tính bền nhiệt được đặc trưng bởi

i) trị số Tm30 nằm trong khoảng từ 52°C đến 90°C và/hoặc

ii) trị số Tm50 nằm trong khoảng từ 52°C đến 90°C; và

đặc tính (D) là tính bền nhiệt được đặc trưng bởi

i) mức ổn định trong quá trình xử lý được đặc trưng theo thời gian bán tồn ở nhiệt độ 45°C từ 3 giờ đến 9 ngày hoặc dài hơn; hoặc

ii) mức ổn định trong quá trình xử lý được đặc trưng theo thời gian bán tồn ở nhiệt độ 45°C từ 24 giờ đến 9 ngày hoặc dài hơn, hoặc

iii) mức ổn định trong quá trình xử lý được đặc trưng theo thời gian bán tồn ở nhiệt độ 45°C từ 4 ngày đến 9 ngày hoặc dài hơn; và

đặc tính (E) là hoạt tính tương đối được thể hiện theo tỷ lệ 100/500 nằm trong khoảng 0,65 đến 1,0, trong đó
tỷ lệ 100/500 được xác định là tỷ lệ giữa
[hoạt tính trehaloza ở 100mM glucoza và 100mM alpha-glucoza-1 phosphat]/[hoạt tính trehaloza ở 500mM glucoza và 100mM alpha-glucoza-1 phosphat].

16. Trehaloza phosphorylaza theo điểm 1, trong đó trehaloza phosphorylaza duy trì ít nhất là 30% hoạt tính ban đầu của nó sau khi ủ trong thời gian 15 phút ở nhiệt độ 52°C trong dung dịch đệm chứa 1M sucroza, trong đó hoạt tính ban đầu được xác định sau khi ủ trong thời gian 15 phút ở nhiệt độ trong phòng và/hoặc trong đó trehaloza phosphorylaza duy trì ít nhất là 50% hoạt tính ban đầu của nó sau khi ủ trong thời gian 15 phút ở nhiệt độ 52°C trong dung dịch đệm chứa 1M sucroza, trong đó hoạt tính ban đầu được xác định sau khi ủ trong thời gian 15 phút ở nhiệt độ trong phòng.

17. Trehaloza phosphorylaza theo điểm 1, trong đó trehaloza phosphorylaza có nguồn gốc từ *Schizophyllum commune* và có hoạt tính còn lại ít nhất là 30% sau khi ủ ở nhiệt độ 52°C trong thời gian 15 phút, trong dung dịch đệm chứa 1M sucroza, trong đó hoạt tính ban đầu được xác định sau khi ủ trong thời gian 15 phút ở nhiệt độ trong phòng.

18. Trehaloza phosphorylaza theo điểm 1, trong đó trehaloza phosphorylaza chứa trình tự axit amin của SEQ ID NO: 1, trong đó trehaloza phosphorylaza có hoạt tính còn lại ít nhất là 30% sau khi ủ ở nhiệt độ 52°C trong thời gian 15 phút, trong dung dịch đệm chứa 1M sucroza, trong đó hoạt tính ban đầu được xác định sau khi ủ trong thời gian 15 phút ở nhiệt độ trong phòng.

19. Phương pháp cho glucosyl monosacarit và alpha-D-glucoza-1 phosphat phản ứng, trong đó phương pháp này bao gồm bước cho glucosyl monosacarit và alpha-D-glucoza-1 phosphat phản ứng với trehaloza phosphorylaza như được xác định theo điểm 1.

20. Phương pháp điều chế trehaloza bao gồm bước cho glucoza và alpha-D-glucoza-1 phosphat phản ứng ở nhiệt độ thấp nhất là 40°C khi có trehaloza phosphorylaza, trong đó trehaloza phosphorylaza

(i) duy trì ít nhất là 30% hoạt tính của nó sau khi ủ trong thời gian 15 phút ở nhiệt độ 52°C trong dung dịch đệm chứa 1M sucroza so với hoạt tính của nó khi không được xử lý nhiệt; và/hoặc

(ii) duy trì ít nhất là 50% hoạt tính của nó sau khi ủ trong thời gian 15 phút ở nhiệt độ 52°C trong dung dịch đệm chứa 1M sucroza so với hoạt tính của nó khi không được xử lý nhiệt; và/hoặc

(iii) có tỷ lệ giữa hoạt tính ở 100mM glucoza so với hoạt tính ở 500mM glucoza ít nhất là 0,65, trong đó trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza đồng nhất ít nhất là 80% với và/hoặc tương đồng ít nhất là 80% với trình tự axit amin của SEQ ID NO: 1, trong đó trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza chứa thay thế axit amin tại một hoặc nhiều vị trí axit amin, trong đó

(a) một hoặc nhiều vị trí axit amin được chọn từ nhóm bao gồm các vị trí axit amin 712, 383, 10, 114, 118, 192, 197, 220, 225, 304, 306, 318, 323, 339, 349, 357, 459, 476, 481, 484, 487, 488, 506, 511, 526, 530, 532, 533, 537, 550, 556, 564, 590, 649, 667, 703 và 705 của SEQ ID NO: 1,

(b) khi thay thế axit amin chứa thay thế tại vị trí axit amin 649, thì thay thế axit amin tại vị trí 649 được chọn từ nhóm bao gồm các thay thế 649D và 649E, và

(c) khi thay thế axit amin chứa thay thế tại vị trí axit amin 10, thì thay thế axit amin tại vị trí 10 được chọn từ nhóm bao gồm các thay thế V10R và V10H.

21. Phương pháp làm tăng mức độ bền nhiệt của trehaloza phosphorylaza, trong đó phương pháp bao gồm các bước:

căn thẳng trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ nhất với trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ hai,

xác định một hoặc nhiều vị trí axit amin của trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ hai mà tương ứng với một hoặc nhiều vị trí axit amin của trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ nhất, trong đó thay thế gốc axit amin tại một hoặc nhiều vị trí axit amin của trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ nhất làm tăng mức độ bền nhiệt của trehaloza phosphorylaza thứ nhất,

thay thế gốc axit amin tại một hoặc nhiều vị trí axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ hai tương ứng với một hoặc nhiều vị trí axit amin của trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ nhất, trong đó thay thế gốc axit amin tại một hoặc nhiều vị trí axit amin của trình tự axit amin của trehaloza phosphorylaza thứ nhất làm tăng mức độ bền nhiệt của trehaloza phosphorylaza thứ nhất,

trong đó trehaloza phosphorylaza thứ nhất là trehaloza phosphorylaza chứa trình tự axit amin theo SEQ ID NO: 1,

trong đó thay thế gốc axit amin ở trehaloza phosphorylaza thứ hai được thực hiện tại một hoặc nhiều vị trí axit amin tương ứng với các vị trí axit amin 712, 383, 10, 114, 118, 192, 197, 220, 225, 304, 306, 318, 323, 339, 349, 357, 459, 476, 481, 484, 487, 488, 506, 511, 526, 530, 532, 533, 537, 550, 556, 564, 590, 649, 667, 703 và 705 của SEQ ID NO: 1, trong đó

(a) khi thay thế axit amin chứa thay thế tại vị trí axit amin 649, thì thay thế axit amin tại vị trí 649 được chọn từ nhóm bao gồm các thay thế 649D và 649E, và

(b) khi thay thế axit amin chứa thay thế tại vị trí axit amin 10, thì thay thế axit amin tại vị trí 10 được chọn từ nhóm bao gồm các thay thế V10R và V10H.

22. Trehaloza phosphorylaza theo điểm 11, trong đó trehaloza phosphorylaza, có ít nhất là một trong số các đặc tính (A), (B), (C), (D) và (E), hoặc tổ hợp bất kỳ của chúng,

trong đó

đặc tính (A) là tính bền nhiệt sau khi ủ ở nhiệt độ 52°C trong thời gian 15 phút xác định được theo mức hoạt tính còn lại nằm trong khoảng từ 30% đến 100%;

đặc tính (B) là tính bền nhiệt sau khi ủ ở nhiệt độ 52°C trong thời gian 15 phút mà được đặc trưng bởi

ii) trị số Tm30 ít nhất là 52°C, và/hoặc

ii) trị số Tm50 ít nhất là 52°C;

đặc tính (C) là tính bền nhiệt được đặc trưng bởi

i) trị số Tm30 nằm trong khoảng từ 52°C đến 90°C và/hoặc

ii) trị số Tm50 nằm trong khoảng từ 52°C đến 90°C; và

đặc tính (D) là tính bền nhiệt được đặc trưng bởi

i) mức ổn định trong quá trình xử lý được đặc trưng theo thời gian bán tồn ở nhiệt độ 45°C từ 3 giờ đến 9 ngày hoặc dài hơn; hoặc

ii) mức ổn định trong quá trình xử lý được đặc trưng theo thời gian bán tồn ở nhiệt độ 45°C từ 24 giờ đến 9 ngày hoặc dài hơn, hoặc

iii) mức ổn định trong quá trình xử lý được đặc trưng theo thời gian bán tồn ở nhiệt độ 45°C từ 4 ngày đến 9 ngày hoặc dài hơn; và

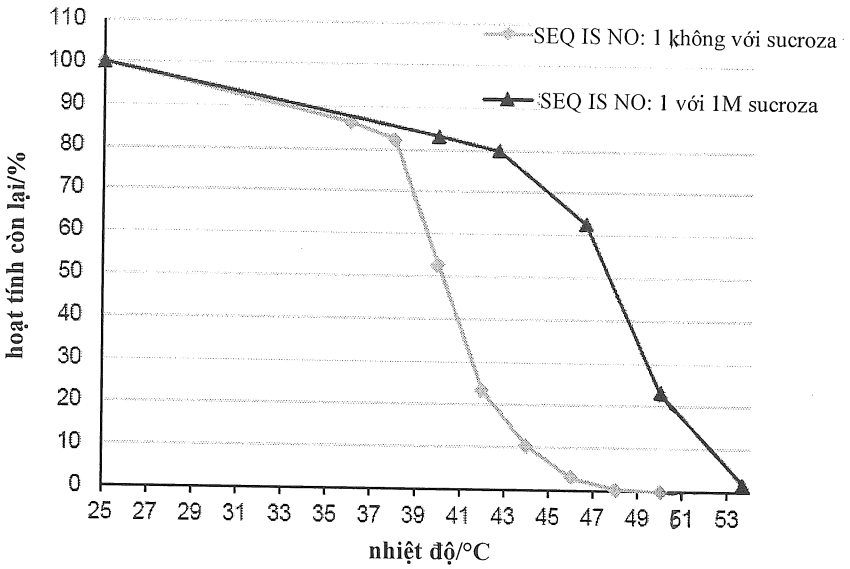
đặc tính (E) là hoạt tính tương đối được thể hiện theo tỷ lệ 100/500 nằm trong khoảng 0,65 đến 1,0, trong đó

tỷ lệ 100/500 được xác định là tỷ lệ giữa

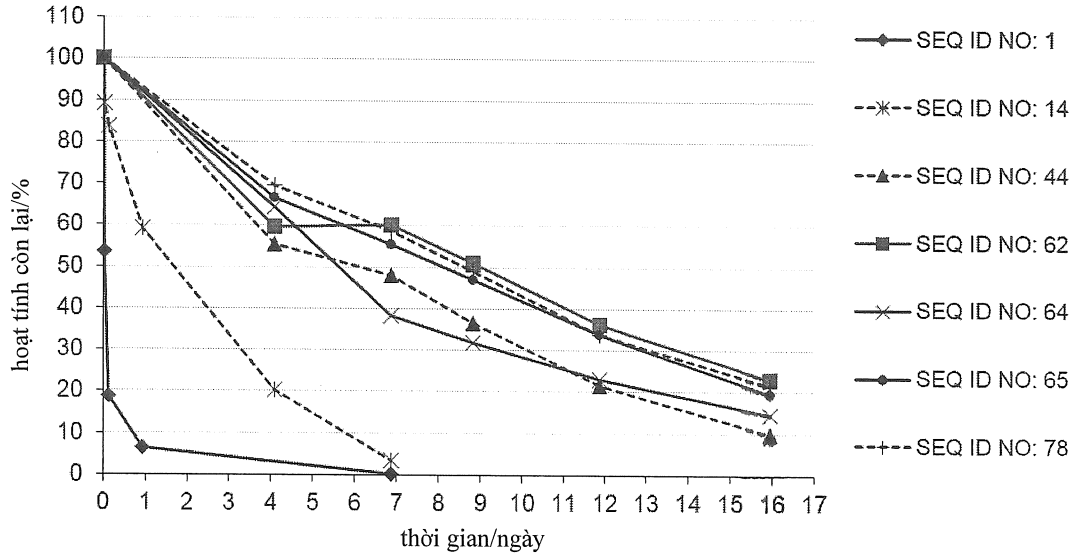
[hoạt tính trehaloza ở 100mM glucoza và 100mM alpha-glucoza-1 phosphat]/[hoạt tính trehaloza ở 500mM glucoza và 100mM alpha-glucoza-1 phosphat].

23. Trehaloza phosphorylaza theo điểm 1, trong đó trình tự axit amin có các thay thế axit amin tại các vị trí 383 và 590.

HÌNH 1


110
100
90
80
70
60
50
40
30
20
10
0
hoạt tính còn lại/%
25 27 29 31 33 35 37 39 41 43 45 47 49 51 53
nhiệt độ/°C
SEQ IS NO: 1 không với sucroza
SEQ IS NO: 1 với 1M sucroza

HÌNH 2


110
100
90
80
70
60
50
40
30
20
10
0
hoạt tính còn lại/%
0 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17
thời gian/ngày
SEQ ID NO: 1
SEQ ID NO: 14
SEQ ID NO: 44
SEQ ID NO: 62
SEQ ID NO: 64
SEQ ID NO: 65
SEQ ID NO: 78

HÌNH 3

```
SEQ_ID_NO:1                -MSPPHGFSSVPSTAARRRLSSKASLTNRPTFTKITTQTYASLTPMWAGIAGAPINNGSQ  59
KJA27491.1_H_sublateritium ----------------------------------------MWAAVAGAVINNNTQ  15
ADM15725.1_G_frondosa      -MAPPHQFQSKPSDVIRRRLSSAVSSKR-PN-----VPGYTSLTPMWAGIAGAVVNNNSQ  53
KDQ33172.1_P_ostreatus     -MSTHHQFESKPSTAIRRRLSSSVSSKQRPN---M-TTTFASLTPMWAGVAGTLVNNNTQ  55
Q9UV63.1_L_sajor-caju      MSTPHHQFESKSSTAIRRRLSSSVSSKQRPN---IMTTTFASLTPMWAGVAGTLVNNNTQ  57
                                                                ***.:**: :**.:*

SEQ_ID_NO:1                FELAISVHDSVYSTDFASFVIDHTPLDPEKAAKEIEKHVLDALRKFSQEHLCKFLGAGIT  119
KJA27491.1_H_sublateritium YEIAVSIHDSVYSTDFASSVLSFNPNNPDKNAKEIEQYVLQTLRMFSVGHLCKFLGAGVT  75
ADM15725.1_G_frondosa      FEVAISIHDSVYNTDFASSIVPYSPNEPEAQAGIIEKHVLETLRKFSTEHMCKFLGAGVT  113
KDQ33172.1_P_ostreatus     YEIAVTVHDGVYSTDFASVIIPVTPGDTAKNSKDIEAQVLNLIRKFSAEHLCKFLGAGIT  115
Q9UV63.1_L_sajor-caju      YEIAVTVHDGVYSTDFASVIIPVTPGDTVKNSKDIEAQVLNLIRKFSAEHLCKFLGAGIT  117
                           :*:*:::**.**.***** ::  .* :    :  **  **: :* **  *:*******:*

SEQ_ID_NO:1                LALLRESPNICTRLWLDLDIVPIVFNIKPFHTDSLTRPNIKHRISSTSGSYVPSGAETPT  179
KJA27491.1_H_sublateritium LLLLKESPNLCTRLWLDMDIVPFVFNIKPFHTDSLTRPNIKHRISSTTGSYVPSGADTPT  135
ADM15725.1_G_frondosa      VILLREAPNLCTRLWLDMDIVPIVFNIKPFHTDSITRPNVRHRISSTTGSYVPSGAETPT  173
KDQ33172.1_P_ostreatus     LALLKECPNLCTRLWLDMDIVPIVFNIKPFHTDSVTRPNIKHRISSTTGSYVPSGSETPT  175
Q9UV63.1_L_sajor-caju      LALLKECPNLCTRLWLDMDIVPIVFNIKPFHTDSVTRPNIKHRISSTTGSYVPSGSETPT  177
                           : **:*.**:*******:****:**********:****::******:*******:***

SEQ_ID_NO:1                VYVEASHLGN--NLSAGTASKLPIPRTLDEQADSAARKAIMYYGPNNNPRLTIGPRNQVA  237
KJA27491.1_H_sublateritium VYVDSAHLTAMSGLQTGVSGRLPIPRTLDEQADSAARKCLMYFGPGNNPRLSIGPRNQVT  195
ADM15725.1_G_frondosa      VYYDPAQLQDPNKLSANVQTRLPIPRTVDEQADSAARKCIMYFGPGNNPRLQIGPRNQVA  233
KDQ33172.1_P_ostreatus     VYVEAAHLGDPSHLSPNAAQKLPIPRTLDEQSDSAARKCLMYFGPNNNPRLSIGARNQVT  235
Q9UV63.1_L_sajor-caju      VYVEASHLGDPSHLSPNAAQKLPIPRTLDEQSDSAARKCLMYFGPNNNPRLSIGARNPVT  237
                           ** : ::*     *. ..  :******:***:******.:**:**.***** ** ** *:
```

HÌNH 3 (*tiếp*)

```
SEQ_ID_NO:1                 VDAGGKIHLIDDIDEYRKTVGPSTWTAVNKLADELRERQIKIGFFSSTPQGGGVALMRHA 297
KJA27491.1_H_sublateritium  VDSAGKAHLIDDIDEYKATVGPRTWNAVVKLADELREKKVKIGFFSSTPQGGGVALMRHA 255
ADM15725.1_G_frondosa       VDAGGKIHLIDDIDEYRKTVGKGTWNSVIKLADELREKKIKIGFFSSTPQGGGVALMRHA 293
KDQ33172.1_P_ostreatus      VDAGGKIHLIDDLEEYRKTVGTGTWNAVIKLADELREKKVKIGFFSSTPQGGGVALMRHA 295
Q9UV63.1_L_sajor-caju       VDAGGKIHLIDDLEEYRMTVGAGTWNAVIKLADELREKKVKIGFFSSTPQGGGVALMRHA 297
                            **:.** *****::**: ***  **.:* ********:::********************

SEQ_ID_NO:1                 LIRFFSALDVDAAWYVPNPSPSVFRTTKNNHNILQGVASPDLRLTQEAKDNFDAWITKNG 357
KJA27491.1_H_sublateritium  LIRFLTALDVDAAWYVPNPSPSVFRTTKNNHNILQGVAAPDLRLTQEAKDNFDAWILKNG 315
ADM15725.1_G_frondosa       IIRFFTALDVDAAWYVPNPSPSVFRTTKNNHNILQGVADPSLRLTKEAADNFDSWILKNG 353
KDQ33172.1_P_ostreatus      LIRFLTALDVDVAWYVPNPSPQVFRTTKNNHNILQGVAAPDLRLTQDAKDAFDAWILKNG 355
Q9UV63.1_L_sajor-caju       LIRFLTALDVDVAWYVPNPSPQVFRTTKNNHNILQGVAAPDLRLTQEAKDAFDAWILKNG 357
                            :***::*****.*********.**************** *.****::* * **:** ***

SEQ_ID_NO:1                 LRWTAEGGPLAPGGVDIAFIDDPQMPGLIPLIKKVRPELPIIYRSHIEIRSDLVHIAGSP 417
KJA27491.1_H_sublateritium  LRWTAEGGPLAPGGVDIAFIDDPQMPGLIPLIKKIRPDLPIVYRSHIEIRSDLVHVPGSP 375
ADM15725.1_G_frondosa       LRWTAEGGPLAPGGVDIAFIDDPQVPGLIPLIKRIRPDLPIIYRSHIEIRSDLVHVKGSP 413
KDQ33172.1_P_ostreatus      LRWTAEGGPLAPGGVDVVFIDDPQMPGLIPLIKKVRPEVPIVYRSHIEIRSDLVHVAGSP 415
Q9UV63.1_L_sajor-caju       LRWTAEGGPLAPGGVDVVFIDDPQMPGLIPLIKKVRPEVPIVYRSHIEIRNDLVHVAWSP 417
                            ****************:.******:********:::**::**:********.****:  **

SEQ_ID_NO:1                 QEEVWKYLWNNIQLADLFISHPVKAFVPEDVPIERVALLPAATDWLDGLNKELSDWDRQY 477
KJA27491.1_H_sublateritium  QEEVWKYLWNNIQLADLFISHPVNKFVPSDVPIEKLALLGAATDWLDGLNKELDPWDSQY 435
ADM15725.1_G_frondosa       QEEVWNYLWNNIQHSDLFISHPVNKFVPSDVPLEKLALLGAATDWLDGLSKHLDAWDAQY 473
KDQ33172.1_P_ostreatus      QEEVWKYLWNNIQLADLFISHPVSKFVPSDVPIEKLALLGAATDWLDGLNKDLDPWDSQF 475
Q9UV63.1_L_sajor-caju       QEEVWKYLWNNIQLADLFISHPVSKFVPSDVPTEKLALLGAATDWLDGLNKDLDPWDSPF 477
                            *****:******* :********. ***.*** *::*** *********.*.*. **  :
```

HÌNH 3 (*tiếp*)

```
SEQ_ID_NO:1                 YMGE------------FRALCQKDKMNTLDWPNREYCIQIARFDPAKGIPNVIDSYARFR 525
KJA27491.1_H_sublateritium  YMGE------------FRNLCTKEKMHTLNWPERDYVVQIARFDPAKGINNVIDSYYKFR 483
ADM15725.1_G_frondosa       YMGE------------FRNLCIKEKMNELGWPARDYIVQIARFDPSKGIPNVIDSYARFR 521
KDQ33172.1_P_ostreatus      YMGE------------FRSLCAKEKMVELDWPTRDYIVQVARFDPSKGIPNVVDSYYKFR 523
Q9UV63.1_L_sajor-caju       YMGEFRPRGSHLNRGEFRSLCAKEKMHELNWPARDYIVQVARFDPSKGIPNVVDSYYKFR 537
                            ****            ** ** *:**  *.** *:* :*:*****:*** **:*** :**

SEQ_ID_NO:1                 RLLNE-AGDVDADDQPQLLICGHGAVDDPDASIIYDQVLTLIH-EKYAEFAKDIVVMRLP 583
KJA27491.1_H_sublateritium  NMLKEKSPDLTEEEHPQLLLCGHGAVDDPDASIIYDQVLQLVESEPYKTYAKDIVVMRLP 543
ADM15725.1_G_frondosa       KLCVDK---VMEDDIPQLLLCGHGAVDDPDASIIYDQVLQLIH-AKYKEYAPDIVVMRCP 577
KDQ33172.1_P_ostreatus      NLLRTRSPEMELSDHPQLLICGHGAVDDPDASIIYDQIMALVNSDPYKEYAHDIVVMRLP 583
Q9UV63.1_L_sajor-caju       NLLRTRSPDMDESEHPQLLICGHGAVDDPDASIIYDQIMALVNSDPYKEYAHDIVVMRLP 597
                            .:       :  .: ****:******************:: *:.   *  :* ****** *

SEQ_ID_NO:1                 PSDQLLDCLMANARIALQLSTREGFEVKVSEAVHAGKPIIAATTGGIPLQVEHGKSGFLT 643
KJA27491.1_H_sublateritium  PSDQLLNALMANSRIALQLSTREGFEVKVSEALHAGKPVIASRTGGIPLQIEHGKSGYLT 603
ADM15725.1_G_frondosa       PSDQLLNTLMANAKFALQLSTREGFEVKVSEALHAGKPVIACRTGGIPLQIEHGKSGYLC 637
KDQ33172.1_P_ostreatus      PSDELLNAMMANSRIALQLSTREGFEVKVSEALHTGKPVIACRTGGIPLQIQHGKSGYLT 643
Q9UV63.1_L_sajor-caju       PSDELLNAMMANSRIALQLSTREGFEVKVSEALHTGKPVIACRTGGIPLQIQHGKSGYLT 657
                            ***:**: :***:::*****************:*:***:**. *******::*****:*

SEQ_ID_NO:1                 EPGDNAQVARHMYDLYTDVALYDRMSQYARTHVSDEVGTVGNAAAWLYLAAVY-TRGQKL 702
KJA27491.1_H_sublateritium  TAGDNAAVANHLYELYTDEALYRKMSQYAKTHVSDEVGTVGNAASWLYLAVMY-HRGIKI 662
ADM15725.1_G_frondosa       EPGDNAAVAQHMLDLYTDEDLYDTMSEYARTHVSDEVGTVGNAAAWMYLAVMYVSRGVKL 697
KDQ33172.1_P_ostreatus      TPGDNDAVAGYLYDLYTDEALYRRMSDFARTHVSDEVGTVGNAAAWLYLAVMY-SRGEKI 702
Q9UV63.1_L_sajor-caju       TPGEKDAVAGHFYDFYTDEALYRKMSDFARTHVSNEVGTVGNAAAWLYLAVMY-SRGEKI 716
                              *::  ** :: ::***  **  **::*:****:*********:*:***.:*  ** *:
```

HÌNH 3 (*tiếp*)

```
SEQ_ID_NO:1                 APKGAWLNDLLREETGTPYVEGEPRLPRGGIKVQD  737
KJA27491.1_H_sublateritium  KPNGAWLNDMLREETGEEYVEGEPRLPRGGLTMQ-  696
ADM15725.1_G_frondosa       RPHGAWINDLMRTEMGEPYRAGEPRLPRGELHVQG  732
KDQ33172.1_P_ostreatus      KPNGAWINDLLREETGEPYKEGETKLPRTKLDMQG  737
Q9UV63.1_L_sajor-caju       KPNGAWINDFFREETGEPYKEGETKLPRTKLDMQG  751
                             *:****:**::* * *  *  ** :***  : :*
```

DANH MỤC TRÌNH TỰ

<110> c-LEcta GmbH
New Matterhorn, LLC

<120> Trehaloza phosphorylaza, phương pháp điều chế trehaloza và phương pháp làm tăng mức độ ổn định nhiệt của trehaloza phosphorylaza

<130> C71105PC

<160> 201

<170> BiSSAP 1.3.6

<210> 1
<211> 737
<212> PRT
<213> Schizophyllum commune

<220>
<223> >SEQ ID NO:1

<400> 1

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

```
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ala
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Pro Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Gln Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Val Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp
545                 550                 555                 560
Gln Val Leu Thr Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
                565                 570                 575
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asp Cys Leu
            580                 585                 590
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
        595                 600                 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
    610                 615                 620
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625                 630                 635                 640
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Ala Gln Val Ala Arg His Met Tyr
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
            660                 665                 670
```

```
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
        675                 680                 685
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
    690                 695                 700
Lys Gly Ala Trp Leu Asn Asp Leu Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
705                 710                 715                 720
Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
                725                 730                 735
Asp
```

<210> 2
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> >SEQ ID NO:2

```
<400> 2
Met Ser Pro Pro His Gly Phe Ser Ser Val Pro Ser Thr Ala Ala Arg
1               5                   10                  15
Arg Arg Leu Ser Ser Lys Ala Ser Leu Thr Asn Arg Pro Thr Phe Thr
            20                  25                  30
Lys Ile Thr Thr Gln Thr Tyr Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly
        35                  40                  45
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
    50                  55                  60
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65                  70                  75                  80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
                85                  90                  95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
            100                 105                 110
Phe Leu Gly Ala Gly Ile Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
        115                 120                 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
    130                 135                 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145                 150                 155                 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
                165                 170                 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
            180                 185                 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
        195                 200                 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
    210                 215                 220
Asn Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
```

```
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ala
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Pro Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Gln Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Val Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp
545                 550                 555                 560
Gln Val Leu Thr Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
                565                 570                 575
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asp Cys Leu
            580                 585                 590
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
        595                 600                 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
    610                 615                 620
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625                 630                 635                 640
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Ala Gln Val Ala Arg His Met Tyr
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
            660                 665                 670
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
        675                 680                 685
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
```

```
    690                 695                 700
Asn Gly Ala Trp Leu Asn Asp Leu Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
705                 710                 715                 720
Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
                725                 730                 735
Asp
```

<210> 3
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> >SEQ ID NO:3

<400> 3

```
Met Ser Pro Pro His Gly Phe Ser Ser Val Pro Ser Thr Ala Ala Arg
1               5                   10                  15
Arg Arg Leu Ser Ser Lys Ala Ser Leu Thr Asn Arg Pro Thr Phe Thr
            20                  25                  30
Lys Ile Thr Thr Gln Thr Tyr Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly
        35                  40                  45
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
    50                  55                  60
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65                  70                  75                  80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
                85                  90                  95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
            100                 105                 110
Phe Leu Gly Ala Gly Ile Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
        115                 120                 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
    130                 135                 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145                 150                 155                 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
                165                 170                 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
            180                 185                 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
        195                 200                 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
    210                 215                 220
Asn Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
```

```
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ala
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Ser Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Gln Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Val Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp
545                 550                 555                 560
Gln Val Leu Thr Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
                565                 570                 575
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asp Cys Leu
            580                 585                 590
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
        595                 600                 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
    610                 615                 620
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625                 630                 635                 640
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Ala Gln Val Ala Arg His Met Tyr
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
            660                 665                 670
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
        675                 680                 685
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
    690                 695                 700
Lys Gly Ala Trp Leu Asn Asp Met Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
705                 710                 715                 720
```

Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
725 730 735
Asp

<210> 4
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> >SEQ ID NO:4

<400> 4
Met Ser Pro Pro His Gly Phe Ser Ser Val Pro Ser Thr Ala Ala Arg
1 5 10 15
Arg Arg Leu Ser Ser Lys Ala Ser Leu Thr Asn Arg Pro Thr Phe Thr
20 25 30
Lys Ile Thr Thr Gln Thr Tyr Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly
35 40 45
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
50 55 60
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65 70 75 80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
85 90 95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
100 105 110
Phe Leu Gly Ala Gly Ile Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
115 120 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
130 135 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145 150 155 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
165 170 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
180 185 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
195 200 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
210 215 220
Asn Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225 230 235 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
245 250 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
260 265 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
275 280 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ala
290 295 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val

```
305                 310                 315                 320
Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Pro Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Gln Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Val Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp
545                 550                 555                 560
Gln Val Leu Thr Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
                565                 570                 575
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asp Cys Leu
            580                 585                 590
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
        595                 600                 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
    610                 615                 620
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625                 630                 635                 640
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Ala Gln Val Ala Arg His Met Tyr
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
            660                 665                 670
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
        675                 680                 685
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
    690                 695                 700
Asn Gly Ala Trp Leu Asn Asp Met Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
705                 710                 715                 720
Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
                725                 730                 735
Asp
```

<210> 5
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> >SEQ ID NO:5

<400> 5

```
Met Ser Pro Pro His Gly Phe Ser Ser Arg Pro Ser Thr Ala Ala Arg
1               5                  10                  15
Arg Arg Leu Ser Ser Lys Ala Ser Leu Thr Asn Arg Pro Thr Phe Thr
            20                  25                  30
Lys Ile Thr Thr Gln Thr Tyr Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly
        35                  40                  45
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
    50                  55                  60
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65                  70                  75                  80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
                85                  90                  95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
            100                 105                 110
Phe Leu Gly Ala Gly Ile Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
        115                 120                 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
    130                 135                 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145                 150                 155                 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
                165                 170                 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
            180                 185                 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
        195                 200                 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
    210                 215                 220
Asn Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ala
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
```

```
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Pro Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Gln Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ser Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Val Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp
545                 550                 555                 560
Gln Val Leu Thr Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
                565                 570                 575
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asp Cys Leu
            580                 585                 590
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
        595                 600                 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
    610                 615                 620
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625                 630                 635                 640
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Ala Gln Val Ala Arg His Met Tyr
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
            660                 665                 670
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
        675                 680                 685
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
    690                 695                 700
Lys Gly Ala Trp Leu Asn Asp Met Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
705                 710                 715                 720
Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
                725                 730                 735
Asp
```

<210> 6

<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> >SEQ ID NO:6

<400> 6

```
Met Ser Pro Pro His Gly Phe Ser Ser Arg Pro Ser Thr Ala Ala Arg
1               5                  10                  15
Arg Arg Leu Ser Ser Lys Ala Ser Leu Thr Asn Arg Pro Thr Phe Thr
            20                  25                  30
Lys Ile Thr Thr Gln Thr Tyr Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly
        35                  40                  45
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
    50                  55                  60
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65                  70                  75                  80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
                85                  90                  95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
            100                 105                 110
Phe Leu Gly Ala Gly Ile Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
        115                 120                 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
    130                 135                 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145                 150                 155                 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
                165                 170                 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
            180                 185                 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
        195                 200                 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Phe Gly Pro Asn Asn
    210                 215                 220
Asn Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ala
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
```

```
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Pro Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Gln Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ser Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Val Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp
545                 550                 555                 560
Gln Val Leu Thr Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
                565                 570                 575
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asp Cys Leu
            580                 585                 590
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
        595                 600                 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
    610                 615                 620
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625                 630                 635                 640
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Ala Gln Val Ala Arg His Met Tyr
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
            660                 665                 670
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
        675                 680                 685
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
    690                 695                 700
Lys Gly Ala Trp Leu Asn Asp Met Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
705                 710                 715                 720
Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
                725                 730                 735
Asp
```

<210> 7
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> >SEQ ID NO:7

<400> 7

```
Met Ser Pro Pro His Gly Phe Ser Ser Arg Pro Ser Thr Ala Ala Arg
1               5                  10                  15
Arg Arg Leu Ser Ser Lys Ala Ser Leu Thr Asn Arg Pro Thr Phe Thr
            20                  25                  30
Lys Ile Thr Thr Gln Thr Tyr Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly
        35                  40                  45
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
    50                  55                  60
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65                  70                  75                  80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
                85                  90                  95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
            100                 105                 110
Phe Ile Gly Ala Gly Ile Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
        115                 120                 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
    130                 135                 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145                 150                 155                 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
                165                 170                 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
            180                 185                 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
        195                 200                 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Phe Gly Pro Asn Asn
    210                 215                 220
Asn Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ala
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Pro Gly
    370                 375                 380
```

```
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Gln Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Val Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp
545                 550                 555                 560
Gln Val Leu Thr Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
                565                 570                 575
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asp Cys Leu
            580                 585                 590
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
        595                 600                 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
    610                 615                 620
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625                 630                 635                 640
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Ala Gln Val Ala Arg His Met Tyr
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
            660                 665                 670
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
        675                 680                 685
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
    690                 695                 700
Lys Gly Ala Trp Leu Asn Asp Met Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
705                 710                 715                 720
Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
                725                 730                 735
Asp
```

<210> 8
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>

<223> >SEQ ID NO:8

<400> 8

```
Met Ser Pro Pro His Gly Phe Ser Ser Val Pro Ser Thr Ala Ala Arg
1               5                  10                  15
Arg Arg Leu Ser Ser Lys Ala Ser Leu Thr Asn Arg Pro Thr Phe Thr
            20                  25                  30
Lys Ile Thr Thr Gln Thr Tyr Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly
        35                  40                  45
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
    50                  55                  60
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65                  70                  75                  80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
                85                  90                  95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
            100                 105                 110
Phe Leu Gly Ala Gly Ile Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
        115                 120                 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
    130                 135                 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145                 150                 155                 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
                165                 170                 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
            180                 185                 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
        195                 200                 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Phe Gly Pro Asn Asn
    210                 215                 220
Asn Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ala
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Pro Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
```

```
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Gln Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ser Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Val Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp
545                 550                 555                 560
Gln Val Leu Thr Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
                565                 570                 575
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asp Cys Leu
            580                 585                 590
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
        595                 600                 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
    610                 615                 620
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625                 630                 635                 640
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Ala Gln Val Ala Arg His Met Tyr
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
            660                 665                 670
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
        675                 680                 685
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
    690                 695                 700
Asn Gly Ala Trp Leu Asn Asp Met Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
705                 710                 715                 720
Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
                725                 730                 735
Asp
```

<210> 9
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> >SEQ ID NO:9

<400> 9

```
Met Ser Pro Pro His Gly Phe Ser Ser Arg Pro Ser Thr Ala Ala Arg
1               5                  10                  15
Arg Arg Leu Ser Ser Lys Ala Ser Leu Thr Asn Arg Pro Thr Phe Thr
            20                  25                  30
Lys Ile Thr Thr Gln Thr Tyr Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly
        35                  40                  45
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
    50                  55                  60
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65                  70                  75                  80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
                85                  90                  95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
            100                 105                 110
Phe Ile Gly Ala Gly Ile Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
        115                 120                 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
    130                 135                 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145                 150                 155                 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
                165                 170                 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
            180                 185                 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
        195                 200                 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Phe Gly Pro Asn Asn
    210                 215                 220
Asn Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ala
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Pro Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
```

```
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Gln Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ser Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Val Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp
545                 550                 555                 560
Gln Val Leu Thr Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
                565                 570                 575
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asp Cys Leu
            580                 585                 590
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
        595                 600                 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
    610                 615                 620
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625                 630                 635                 640
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Ala Gln Val Ala Arg His Met Tyr
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
            660                 665                 670
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
        675                 680                 685
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
    690                 695                 700
Asn Gly Ala Trp Leu Asn Asp Met Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
705                 710                 715                 720
Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
                725                 730                 735
Asp
```

<210> 10
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> >SEQ ID NO:10

<400> 10

```
Met Ser Pro Pro His Gly Phe Ser Ser Val Pro Ser Thr Ala Ala Arg
1               5                   10                  15
Arg Arg Leu Ser Ser Lys Ala Ser Leu Thr Asn Arg Pro Thr Phe Thr
```

```
            20                  25                  30
Lys Ile Thr Thr Gln Thr Tyr Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly
        35                  40                  45
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
    50                  55                  60
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65                  70                  75                  80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
                85                  90                  95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
            100                 105                 110
Phe Leu Gly Ala Gly Ile Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
        115                 120                 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
    130                 135                 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145                 150                 155                 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
                165                 170                 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
            180                 185                 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
        195                 200                 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
    210                 215                 220
Asn Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ala
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Val Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
```

```
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Gln Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Val Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp
545                 550                 555                 560
Gln Val Leu Thr Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
                565                 570                 575
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asp Cys Leu
            580                 585                 590
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
        595                 600                 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
    610                 615                 620
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625                 630                 635                 640
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Ala Gln Val Ala Arg His Met Tyr
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
            660                 665                 670
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
        675                 680                 685
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
    690                 695                 700
Lys Gly Ala Trp Leu Asn Asp Met Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
705                 710                 715                 720
Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
                725                 730                 735
Asp
```

<210> 11
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> >SEQ ID NO:11

<400> 11

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

```
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
    50                  55                  60
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65                  70                  75                  80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
                85                  90                  95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
            100                 105                 110
Phe Ile Gly Ala Gly Val Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
        115                 120                 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
    130                 135                 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145                 150                 155                 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
                165                 170                 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
            180                 185                 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
        195                 200                 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
    210                 215                 220
Asn Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ala
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Val Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gly Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
```

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

<210> 12
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> >SEQ ID NO:12

<400> 12

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

65 70 75 80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
85 90 95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
100 105 110
Phe Ile Gly Ala Gly Val Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
115 120 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
130 135 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145 150 155 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
165 170 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
180 185 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
195 200 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
210 215 220
Asn Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225 230 235 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
245 250 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
260 265 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
275 280 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ile
290 295 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305 310 315 320
Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
325 330 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Tyr Asp Ala Trp
340 345 350
Ile Thr Lys Asn Ala Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
355 360 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Val Gly
370 375 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385 390 395 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
405 410 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
420 425 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
435 440 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
450 455 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465 470 475 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Gln Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
485 490 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ser Arg Phe Asp Pro Ser Lys

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

<210> 13
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> >SEQ ID NO:13

<400> 13

```
Met Ser Pro Pro His Gly Phe Ser Ser Val Pro Ser Thr Ala Ala Arg
1               5                   10                  15
Arg Arg Leu Ser Ser Lys Ala Ser Leu Thr Asn Arg Pro Thr Phe Thr
            20                  25                  30
Lys Ile Thr Thr Gln Thr Tyr Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly
        35                  40                  45
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
    50                  55                  60
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65                  70                  75                  80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
                85                  90                  95
```

```
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
            100                 105                 110
Phe Ile Gly Ala Gly Val Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
        115                 120                 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
    130                 135                 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145                 150                 155                 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
                165                 170                 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
            180                 185                 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
        195                 200                 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
    210                 215                 220
Asn Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ile
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Tyr Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Val Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Ile Phe Arg Ala Leu Cys Gln Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
```

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

<210> 14
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> >SEQ ID NO:14

<400> 14

```
Met Ser Pro Pro His Gly Phe Ser Ser Val Pro Ser Thr Ala Ala Arg
1               5                   10                  15
Arg Arg Leu Ser Ser Lys Ala Ser Leu Thr Asn Arg Pro Thr Phe Thr
            20                  25                  30
Lys Ile Thr Thr Gln Thr Tyr Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly
        35                  40                  45
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
    50                  55                  60
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65                  70                  75                  80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
                85                  90                  95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
            100                 105                 110
Phe Ile Gly Ala Gly Val Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
```

```
        115                 120                 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
    130                 135                 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145                 150                 155                 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
                165                 170                 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
            180                 185                 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
        195                 200                 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
    210                 215                 220
Asn Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ile
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Ala Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Val Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Gln Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Val Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp
```

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

<210> 15
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> >SEQ ID NO:15

<400> 15
Met Ser Pro Pro His Gly Phe Ser Ser Val Pro Ser Thr Ala Ala Arg
1 5 10 15
Arg Arg Leu Ser Ser Lys Ala Ser Leu Thr Asn Arg Pro Thr Phe Thr
20 25 30
Lys Ile Thr Thr Gln Thr Tyr Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly
35 40 45
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
50 55 60
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65 70 75 80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
85 90 95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
100 105 110
Phe Ile Gly Ala Gly Val Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
115 120 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
130 135 140

```
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145                 150                 155                 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
                165                 170                 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
            180                 185                 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
        195                 200                 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
    210                 215                 220
Asn Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ala
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Tyr Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Ala Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Val Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Ile Phe Arg Ala Leu Cys Gln Ala Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Val Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp
545                 550                 555                 560
Gln Val Leu Thr Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
                565                 570                 575
```

```
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asp Cys Leu
            580                 585                 590
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
        595                 600                 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
    610                 615                 620
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625                 630                 635                 640
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Ala Gln Val Ala Arg His Met Tyr
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
            660                 665                 670
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
        675                 680                 685
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
    690                 695                 700
Lys Gly Ala Trp Leu Asn Asp Met Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
705                 710                 715                 720
Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
                725                 730                 735
Asp
```

<210> 16
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> >SEQ ID NO:16

<400> 16

```
Met Ser Pro Pro His Gly Phe Ser Ser Val Pro Ser Thr Ala Ala Arg
1               5                   10                  15
Arg Arg Leu Ser Ser Lys Ala Ser Leu Thr Asn Arg Pro Thr Phe Thr
            20                  25                  30
Lys Ile Thr Thr Gln Thr Tyr Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly
        35                  40                  45
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
    50                  55                  60
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65                  70                  75                  80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
                85                  90                  95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
            100                 105                 110
Phe Ile Gly Ala Gly Val Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
        115                 120                 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
    130                 135                 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145                 150                 155                 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
```

```
                 165                 170                 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
            180                 185                 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
        195                 200                 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
    210                 215                 220
Asn Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ile
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Val Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Ile Phe Arg Ala Leu Cys Gln Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ser Arg Phe Asp Pro Ser Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Val Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp
545                 550                 555                 560
Gln Val Leu Thr Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
                565                 570                 575
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asp Cys Leu
            580                 585                 590
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
```

```
        595                 600                 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
    610                 615                 620
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625                 630                 635                 640
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Ala Gln Val Ala Arg His Met Tyr
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
            660                 665                 670
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
        675                 680                 685
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
    690                 695                 700
Lys Gly Ala Trp Leu Asn Asp Met Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
705                 710                 715                 720
Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
                725                 730                 735
Asp
```

<210> 17
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> >SEQ ID NO:17

<400> 17

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

```
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
        195                 200                 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
    210                 215                 220
Asn Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ala
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Val Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Gln Ala Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ser Arg Phe Asp Pro Ser Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Val Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp
545                 550                 555                 560
Gln Val Leu Thr Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
                565                 570                 575
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asp Cys Leu
            580                 585                 590
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
        595                 600                 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
    610                 615                 620
```

```
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625                 630                 635                 640
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Ala Gln Val Ala Arg His Met Tyr
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
            660                 665                 670
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
        675                 680                 685
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
    690                 695                 700
Lys Gly Ala Trp Leu Asn Asp Met Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
705                 710                 715                 720
Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
                725                 730                 735
Asp
```

<210> 18
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> >SEQ ID NO:18

<400> 18

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

```
    210                 215                 220
Asn Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ile
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Ala Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Val Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Gln Ala Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ser Arg Phe Asp Pro Ser Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Val Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp
545                 550                 555                 560
Gln Val Leu Thr Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
                565                 570                 575
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asp Cys Leu
            580                 585                 590
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
        595                 600                 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
    610                 615                 620
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625                 630                 635                 640
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Ala Gln Val Ala Arg His Met Tyr
```

645 650 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
660 665 670
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
675 680 685
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
690 695 700
Lys Gly Ala Trp Leu Asn Asp Met Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
705 710 715 720
Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
725 730 735
Asp

<210> 19
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> >SEQ ID NO:19

<400> 19
Met Ser Pro Pro His Gly Phe Ser Ser Val Pro Ser Thr Ala Ala Arg
1 5 10 15
Arg Arg Leu Ser Ser Lys Ala Ser Leu Thr Asn Arg Pro Thr Phe Thr
20 25 30
Lys Ile Thr Thr Gln Thr Tyr Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly
35 40 45
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
50 55 60
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65 70 75 80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
85 90 95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
100 105 110
Phe Ile Gly Ala Gly Val Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
115 120 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
130 135 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145 150 155 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
165 170 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
180 185 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
195 200 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
210 215 220
Asn Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225 230 235 240

```
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ala
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Val Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Ile Phe Arg Ala Leu Cys Gln Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Val Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp
545                 550                 555                 560
Gln Val Leu Thr Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
                565                 570                 575
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asp Cys Leu
            580                 585                 590
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
        595                 600                 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
    610                 615                 620
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625                 630                 635                 640
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Ala Gln Val Ala Arg His Met Tyr
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
            660                 665                 670
```

```
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
        675                 680                 685
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
    690                 695                 700
Lys Gly Ala Trp Leu Asn Asp Met Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
705                 710                 715                 720
Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
                725                 730                 735
Asp
```

<210> 20
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> >SEQ ID NO:20

```
<400> 20
Met Ser Pro Pro His Gly Phe Ser Ser Val Pro Ser Thr Ala Ala Arg
1               5                   10                  15
Arg Arg Leu Ser Ser Lys Ala Ser Leu Thr Asn Arg Pro Thr Phe Thr
            20                  25                  30
Lys Ile Thr Thr Gln Thr Tyr Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly
        35                  40                  45
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
    50                  55                  60
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65                  70                  75                  80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
                85                  90                  95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
            100                 105                 110
Phe Ile Gly Ala Gly Val Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
        115                 120                 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
    130                 135                 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145                 150                 155                 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
                165                 170                 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
            180                 185                 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
        195                 200                 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
    210                 215                 220
Asn Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
```

```
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ile
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Tyr Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Val Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Gln Ala Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Val Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp
545                 550                 555                 560
Gln Val Leu Thr Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
                565                 570                 575
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asp Cys Leu
            580                 585                 590
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
        595                 600                 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
    610                 615                 620
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625                 630                 635                 640
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Ala Gln Val Ala Arg His Met Tyr
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
            660                 665                 670
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
        675                 680                 685
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
```

```
    690                 695                 700
Lys Gly Ala Trp Leu Asn Asp Met Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
705                 710                 715                 720
Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
                725                 730                 735
Asp
```

<210> 21
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> >SEQ ID NO:21

<400> 21

```
Met Ser Pro Pro His Gly Phe Ser Ser Val Pro Ser Thr Ala Ala Arg
1               5                  10                  15
Arg Arg Leu Ser Ser Lys Ala Ser Leu Thr Asn Arg Pro Thr Phe Thr
            20                  25                  30
Lys Ile Thr Thr Gln Thr Tyr Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly
        35                  40                  45
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
    50                  55                  60
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65                  70                  75                  80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
                85                  90                  95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
            100                 105                 110
Phe Ile Gly Ala Gly Val Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
        115                 120                 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
    130                 135                 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145                 150                 155                 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
                165                 170                 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
            180                 185                 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
        195                 200                 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
    210                 215                 220
Asn Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
```

```
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ala
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Val Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Ile Phe Arg Ala Leu Cys Gln Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ser Arg Phe Asp Pro Ser Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Val Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp
545                 550                 555                 560
Gln Val Leu Thr Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
                565                 570                 575
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asp Cys Leu
            580                 585                 590
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
        595                 600                 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
    610                 615                 620
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625                 630                 635                 640
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Ala Gln Val Ala Arg His Met Tyr
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
            660                 665                 670
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
        675                 680                 685
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
    690                 695                 700
Lys Gly Ala Trp Leu Asn Asp Met Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
705                 710                 715                 720
```

Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
725 730 735
Asp

<210> 22
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> >SEQ ID NO:22

<400> 22
Met Ser Pro Pro His Gly Phe Ser Ser Val Pro Ser Thr Ala Ala Arg
1 5 10 15
Arg Arg Leu Ser Ser Lys Ala Ser Leu Thr Asn Arg Pro Thr Phe Thr
20 25 30
Lys Ile Thr Thr Gln Thr Tyr Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly
35 40 45
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
50 55 60
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65 70 75 80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
85 90 95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
100 105 110
Phe Ile Gly Ala Gly Val Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
115 120 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
130 135 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145 150 155 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
165 170 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Val
180 185 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
195 200 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
210 215 220
Asn Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225 230 235 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
245 250 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
260 265 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
275 280 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ile
290 295 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val

305 310 315 320
Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
325 330 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
340 345 350
Ile Thr Lys Asn Ala Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
355 360 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Val Gly
370 375 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385 390 395 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
405 410 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
420 425 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
435 440 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
450 455 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465 470 475 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Gln Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
485 490 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
500 505 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
515 520 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
530 535 540
Cys Gly His Gly Ala Val Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp
545 550 555 560
Gln Val Leu Thr Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
565 570 575
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asp Cys Leu
580 585 590
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
595 600 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
610 615 620
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625 630 635 640
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Ala Gln Val Ala Arg His Met Tyr
645 650 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
660 665 670
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
675 680 685
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
690 695 700
Lys Gly Ala Trp Leu Asn Asp Met Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
705 710 715 720
Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
725 730 735
Asp

<210> 23
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> >SEQ ID NO:23

<400> 23
Met Ser Pro Pro His Gly Phe Ser Ser Val Pro Ser Thr Ala Ala Arg
1 5 10 15
Arg Arg Leu Ser Ser Lys Ala Ser Leu Thr Asn Arg Pro Thr Phe Thr
20 25 30
Lys Ile Thr Thr Gln Thr Tyr Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly
35 40 45
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
50 55 60
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65 70 75 80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
85 90 95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
100 105 110
Phe Ile Gly Ala Gly Val Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
115 120 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
130 135 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145 150 155 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
165 170 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
180 185 190
Ala Gly Thr Ala Gly Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
195 200 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
210 215 220
Asn Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225 230 235 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
245 250 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
260 265 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
275 280 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ile
290 295 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305 310 315 320
Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
325 330 335

```
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Ala Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Val Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Gln Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Val Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp
545                 550                 555                 560
Gln Val Leu Thr Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
                565                 570                 575
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asp Cys Leu
            580                 585                 590
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
        595                 600                 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
    610                 615                 620
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625                 630                 635                 640
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Ala Gln Val Ala Arg His Met Tyr
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
            660                 665                 670
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
        675                 680                 685
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
    690                 695                 700
Lys Gly Ala Trp Leu Asn Asp Met Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
705                 710                 715                 720
Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
                725                 730                 735
Asp
```

<210> 24

<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> >SEQ ID NO:24

<400> 24

```
Met Ser Pro Pro His Gly Phe Ser Ser Val Pro Ser Thr Ala Ala Arg
1               5                  10                  15
Arg Arg Leu Ser Ser Lys Ala Ser Leu Thr Asn Arg Pro Thr Phe Thr
            20                  25                  30
Lys Ile Thr Thr Gln Thr Tyr Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly
        35                  40                  45
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
    50                  55                  60
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65                  70                  75                  80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
                85                  90                  95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
            100                 105                 110
Phe Ile Gly Ala Gly Val Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
        115                 120                 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
    130                 135                 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145                 150                 155                 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
                165                 170                 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
            180                 185                 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
        195                 200                 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
    210                 215                 220
Val Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ile
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Ala Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
```

```
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Val Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Gln Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Val Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp
545                 550                 555                 560
Gln Val Leu Thr Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
                565                 570                 575
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asp Cys Leu
            580                 585                 590
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
        595                 600                 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
    610                 615                 620
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625                 630                 635                 640
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Ala Gln Val Ala Arg His Met Tyr
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
            660                 665                 670
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
        675                 680                 685
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
    690                 695                 700
Lys Gly Ala Trp Leu Asn Asp Met Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
705                 710                 715                 720
Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
                725                 730                 735
Asp
```

<210> 25
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> >SEQ ID NO:25

<400> 25

```
Met Ser Pro Pro His Gly Phe Ser Ser Val Pro Ser Thr Ala Ala Arg
1               5                  10                  15
Arg Arg Leu Ser Ser Lys Ala Ser Leu Thr Asn Arg Pro Thr Phe Thr
            20                  25                  30
Lys Ile Thr Thr Gln Thr Tyr Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly
        35                  40                  45
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
    50                  55                  60
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65                  70                  75                  80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
                85                  90                  95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
            100                 105                 110
Phe Ile Gly Ala Gly Val Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
        115                 120                 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
    130                 135                 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145                 150                 155                 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
                165                 170                 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
            180                 185                 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
        195                 200                 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
    210                 215                 220
Asn Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ile
    290                 295                 300
Leu His Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Ala Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Val Gly
    370                 375                 380
```

```
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Gln Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Val Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp
545                 550                 555                 560
Gln Val Leu Thr Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
                565                 570                 575
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asp Cys Leu
            580                 585                 590
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
        595                 600                 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
    610                 615                 620
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625                 630                 635                 640
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Ala Gln Val Ala Arg His Met Tyr
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
            660                 665                 670
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
        675                 680                 685
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
    690                 695                 700
Lys Gly Ala Trp Leu Asn Asp Met Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
705                 710                 715                 720
Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
                725                 730                 735
Asp
```

<210> 26
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>

<223> >SEQ ID NO:26

<400> 26

```
Met Ser Pro Pro His Gly Phe Ser Ser Val Pro Ser Thr Ala Ala Arg
1               5                  10                  15
Arg Arg Leu Ser Ser Lys Ala Ser Leu Thr Asn Arg Pro Thr Phe Thr
            20                  25                  30
Lys Ile Thr Thr Gln Thr Tyr Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly
        35                  40                  45
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
    50                  55                  60
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65                  70                  75                  80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
                85                  90                  95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
            100                 105                 110
Phe Ile Gly Ala Gly Val Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
        115                 120                 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
    130                 135                 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145                 150                 155                 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
                165                 170                 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
            180                 185                 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
        195                 200                 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
    210                 215                 220
Asn Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ile
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser His Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Ala Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Val Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
```

```
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Gln Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Val Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp
545                 550                 555                 560
Gln Val Leu Thr Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
                565                 570                 575
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asp Cys Leu
            580                 585                 590
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
        595                 600                 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
    610                 615                 620
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625                 630                 635                 640
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Ala Gln Val Ala Arg His Met Tyr
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
            660                 665                 670
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
        675                 680                 685
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
    690                 695                 700
Lys Gly Ala Trp Leu Asn Asp Met Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
705                 710                 715                 720
Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
                725                 730                 735
Asp
```

<210> 27
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> >SEQ ID NO:27

<400> 27

```
Met Ser Pro Pro His Gly Phe Ser Ser Val Pro Ser Thr Ala Ala Arg
1               5                  10                  15
Arg Arg Leu Ser Ser Lys Ala Ser Leu Thr Asn Arg Pro Thr Phe Thr
            20                  25                  30
Lys Ile Thr Thr Gln Thr Tyr Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly
        35                  40                  45
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
    50                  55                  60
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65                  70                  75                  80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
                85                  90                  95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
            100                 105                 110
Phe Ile Gly Ala Gly Val Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
        115                 120                 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
    130                 135                 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145                 150                 155                 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
                165                 170                 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
            180                 185                 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
        195                 200                 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
    210                 215                 220
Asn Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ile
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Ile Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Ala Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Val Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
```

```
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Gln Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Val Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp
545                 550                 555                 560
Gln Val Leu Thr Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
                565                 570                 575
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asp Cys Leu
            580                 585                 590
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
        595                 600                 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
    610                 615                 620
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625                 630                 635                 640
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Ala Gln Val Ala Arg His Met Tyr
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
            660                 665                 670
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
        675                 680                 685
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
    690                 695                 700
Lys Gly Ala Trp Leu Asn Asp Met Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
705                 710                 715                 720
Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
                725                 730                 735
Asp
```

<210> 28
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> >SEQ ID NO:28

<400> 28

```
Met Ser Pro Pro His Gly Phe Ser Ser Val Pro Ser Thr Ala Ala Arg
1               5                   10                  15
Arg Arg Leu Ser Ser Lys Ala Ser Leu Thr Asn Arg Pro Thr Phe Thr
```

```
            20                  25                  30
Lys Ile Thr Thr Gln Thr Tyr Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly
        35                  40                  45
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
    50                  55                  60
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65                  70                  75                  80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
                85                  90                  95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
            100                 105                 110
Phe Ile Gly Ala Gly Val Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
        115                 120                 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
    130                 135                 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145                 150                 155                 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
                165                 170                 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
            180                 185                 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
        195                 200                 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
    210                 215                 220
Asn Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ile
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Ile Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Ala Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Val Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
```

```
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Gln Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Val Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp
545                 550                 555                 560
Gln Val Leu Thr Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
                565                 570                 575
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asp Cys Leu
            580                 585                 590
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
        595                 600                 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
    610                 615                 620
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625                 630                 635                 640
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Ala Gln Val Ala Arg His Met Tyr
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
            660                 665                 670
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
        675                 680                 685
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
    690                 695                 700
Lys Gly Ala Trp Leu Asn Asp Met Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
705                 710                 715                 720
Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
                725                 730                 735
Asp
```

<210> 29
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> >SEQ ID NO:29

<400> 29

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

```
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
    50                  55                  60
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65                  70                  75                  80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
                85                  90                  95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
            100                 105                 110
Phe Ile Gly Ala Gly Val Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
        115                 120                 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
    130                 135                 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145                 150                 155                 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
                165                 170                 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
            180                 185                 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
        195                 200                 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
    210                 215                 220
Asn Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ile
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Tyr Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Ala Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Val Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
```

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

<210> 30
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> >SEQ ID NO:30

<400> 30

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

65 70 75 80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
85 90 95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
100 105 110
Phe Ile Gly Ala Gly Val Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
115 120 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
130 135 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145 150 155 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
165 170 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
180 185 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
195 200 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
210 215 220
Asn Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225 230 235 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
245 250 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
260 265 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
275 280 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ile
290 295 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305 310 315 320
Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
325 330 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
340 345 350
Ile Thr Lys Asn Ala Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
355 360 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Val Gly
370 375 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385 390 395 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
405 410 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
420 425 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
435 440 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ser Thr Asp Trp Leu Asp
450 455 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465 470 475 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Gln Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
485 490 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys

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

<210> 31
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> >SEQ ID NO:31

<400> 31

```
Met Ser Pro Pro His Gly Phe Ser Ser Val Pro Ser Thr Ala Ala Arg
1               5                   10                  15
Arg Arg Leu Ser Ser Lys Ala Ser Leu Thr Asn Arg Pro Thr Phe Thr
            20                  25                  30
Lys Ile Thr Thr Gln Thr Tyr Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly
        35                  40                  45
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
    50                  55                  60
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65                  70                  75                  80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
                85                  90                  95
```

```
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
            100                 105                 110
Phe Ile Gly Ala Gly Val Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
        115                 120                 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
    130                 135                 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145                 150                 155                 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
                165                 170                 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
            180                 185                 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
        195                 200                 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
    210                 215                 220
Asn Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ile
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Ala Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Val Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Ile Phe Arg Ala Leu Cys Gln Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
```

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

<210> 32
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> >SEQ ID NO:32

<400> 32

```
Met Ser Pro Pro His Gly Phe Ser Ser Val Pro Ser Thr Ala Ala Arg
1               5                   10                  15
Arg Arg Leu Ser Ser Lys Ala Ser Leu Thr Asn Arg Pro Thr Phe Thr
            20                  25                  30
Lys Ile Thr Thr Gln Thr Tyr Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly
        35                  40                  45
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
    50                  55                  60
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65                  70                  75                  80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
                85                  90                  95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
            100                 105                 110
Phe Ile Gly Ala Gly Val Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
```

```
        115                 120                 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
    130                 135                 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145                 150                 155                 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
                165                 170                 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
            180                 185                 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
        195                 200                 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
    210                 215                 220
Asn Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ile
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Ala Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Val Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ser Leu Cys Gln Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Val Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp
```

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

<210> 33
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> >SEQ ID NO:33

<400> 33

```
Met Ser Pro Pro His Gly Phe Ser Ser Val Pro Ser Thr Ala Ala Arg
1               5                   10                  15
Arg Arg Leu Ser Ser Lys Ala Ser Leu Thr Asn Arg Pro Thr Phe Thr
            20                  25                  30
Lys Ile Thr Thr Gln Thr Tyr Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly
        35                  40                  45
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
    50                  55                  60
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65                  70                  75                  80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
                85                  90                  95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
            100                 105                 110
Phe Ile Gly Ala Gly Val Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
        115                 120                 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
    130                 135                 140
```

```
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145                 150                 155                 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
                165                 170                 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
            180                 185                 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
        195                 200                 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
    210                 215                 220
Asn Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ile
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Ala Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Val Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Val Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Val Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp
545                 550                 555                 560
Gln Val Leu Thr Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
                565                 570                 575
```

```
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asp Cys Leu
            580                 585                 590
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
        595                 600                 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
    610                 615                 620
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625                 630                 635                 640
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Ala Gln Val Ala Arg His Met Tyr
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
            660                 665                 670
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
        675                 680                 685
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
    690                 695                 700
Lys Gly Ala Trp Leu Asn Asp Met Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
705                 710                 715                 720
Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
                725                 730                 735
Asp
```

<210> 34
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> >SEQ ID NO:34

<400> 34

```
Met Ser Pro Pro His Gly Phe Ser Ser Val Pro Ser Thr Ala Ala Arg
1               5                   10                  15
Arg Arg Leu Ser Ser Lys Ala Ser Leu Thr Asn Arg Pro Thr Phe Thr
            20                  25                  30
Lys Ile Thr Thr Gln Thr Tyr Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly
        35                  40                  45
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
    50                  55                  60
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65                  70                  75                  80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
                85                  90                  95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
            100                 105                 110
Phe Ile Gly Ala Gly Val Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
        115                 120                 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
    130                 135                 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145                 150                 155                 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
```

```
                165                 170                 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
            180                 185                 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
        195                 200                 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
    210                 215                 220
Asn Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ile
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Ala Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Val Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Ala Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Val Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp
545                 550                 555                 560
Gln Val Leu Thr Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
                565                 570                 575
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asp Cys Leu
            580                 585                 590
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
```

595 600 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
610 615 620
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625 630 635 640
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Ala Gln Val Ala Arg His Met Tyr
645 650 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
660 665 670
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
675 680 685
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
690 695 700
Lys Gly Ala Trp Leu Asn Asp Met Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
705 710 715 720
Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
725 730 735
Asp

<210> 35
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> >SEQ ID NO:35

<400> 35
Met Ser Pro Pro His Gly Phe Ser Ser Val Pro Ser Thr Ala Ala Arg
1 5 10 15
Arg Arg Leu Ser Ser Lys Ala Ser Leu Thr Asn Arg Pro Thr Phe Thr
20 25 30
Lys Ile Thr Thr Gln Thr Tyr Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly
35 40 45
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
50 55 60
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65 70 75 80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
85 90 95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
100 105 110
Phe Ile Gly Ala Gly Val Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
115 120 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
130 135 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145 150 155 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
165 170 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
180 185 190

```
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
        195                 200                 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
    210                 215                 220
Asn Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ile
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Ala Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Val Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Leu Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Val Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp
545                 550                 555                 560
Gln Val Leu Thr Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
                565                 570                 575
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asp Cys Leu
            580                 585                 590
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
        595                 600                 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
    610                 615                 620
```

```
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625                 630                 635                 640
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Ala Gln Val Ala Arg His Met Tyr
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
            660                 665                 670
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
        675                 680                 685
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
    690                 695                 700
Lys Gly Ala Trp Leu Asn Asp Met Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
705                 710                 715                 720
Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
                725                 730                 735
Asp
```

<210> 36
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> >SEQ ID NO:36

<400> 36

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

```
    210                 215                 220
Asn Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ile
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Ala Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Val Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Gln Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Glu Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Val Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp
545                 550                 555                 560
Gln Val Leu Thr Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
                565                 570                 575
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asp Cys Leu
            580                 585                 590
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
        595                 600                 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
    610                 615                 620
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625                 630                 635                 640
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Ala Gln Val Ala Arg His Met Tyr
```

645 650 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
660 665 670
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
675 680 685
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
690 695 700
Lys Gly Ala Trp Leu Asn Asp Met Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
705 710 715 720
Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
725 730 735
Asp

<210> 37
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> >SEQ ID NO:37

<400> 37
Met Ser Pro Pro His Gly Phe Ser Ser Val Pro Ser Thr Ala Ala Arg
1 5 10 15
Arg Arg Leu Ser Ser Lys Ala Ser Leu Thr Asn Arg Pro Thr Phe Thr
20 25 30
Lys Ile Thr Thr Gln Thr Tyr Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly
35 40 45
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
50 55 60
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65 70 75 80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
85 90 95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
100 105 110
Phe Ile Gly Ala Gly Val Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
115 120 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
130 135 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145 150 155 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
165 170 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
180 185 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
195 200 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
210 215 220
Asn Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225 230 235 240

```
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ile
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Ala Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Val Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Gln Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Val Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Val Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp
545                 550                 555                 560
Gln Val Leu Thr Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
                565                 570                 575
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asp Cys Leu
            580                 585                 590
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
        595                 600                 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
    610                 615                 620
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625                 630                 635                 640
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Ala Gln Val Ala Arg His Met Tyr
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
            660                 665                 670
```

Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
675 680 685
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
690 695 700
Lys Gly Ala Trp Leu Asn Asp Met Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
705 710 715 720
Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
725 730 735
Asp

<210> 38
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> >SEQ ID NO:38

<400> 38
Met Ser Pro Pro His Gly Phe Ser Ser Val Pro Ser Thr Ala Ala Arg
1 5 10 15
Arg Arg Leu Ser Ser Lys Ala Ser Leu Thr Asn Arg Pro Thr Phe Thr
20 25 30
Lys Ile Thr Thr Gln Thr Tyr Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly
35 40 45
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
50 55 60
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65 70 75 80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
85 90 95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
100 105 110
Phe Ile Gly Ala Gly Val Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
115 120 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
130 135 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145 150 155 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
165 170 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
180 185 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
195 200 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
210 215 220
Asn Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225 230 235 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
245 250 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu

```
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ile
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Ala Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Val Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Gln Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Arg Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Val Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp
545                 550                 555                 560
Gln Val Leu Thr Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
                565                 570                 575
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asp Cys Leu
            580                 585                 590
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
        595                 600                 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
    610                 615                 620
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625                 630                 635                 640
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Ala Gln Val Ala Arg His Met Tyr
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
            660                 665                 670
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
        675                 680                 685
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
```

```
    690                 695                 700
Lys Gly Ala Trp Leu Asn Asp Met Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
705                 710                 715                 720
Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
                725                 730                 735
Asp
```

<210> 39
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> >SEQ ID NO:39

<400> 39

```
Met Ser Pro Pro His Gly Phe Ser Ser Val Pro Ser Thr Ala Ala Arg
1               5                  10                  15
Arg Arg Leu Ser Ser Lys Ala Ser Leu Thr Asn Arg Pro Thr Phe Thr
            20                  25                  30
Lys Ile Thr Thr Gln Thr Tyr Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly
        35                  40                  45
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
    50                  55                  60
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65                  70                  75                  80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
                85                  90                  95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
            100                 105                 110
Phe Ile Gly Ala Gly Val Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
        115                 120                 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
    130                 135                 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145                 150                 155                 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
                165                 170                 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
            180                 185                 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
        195                 200                 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
    210                 215                 220
Asn Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
```

```
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ile
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Ala Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Val Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Gln Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Gly Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Val Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp
545                 550                 555                 560
Gln Val Leu Thr Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
                565                 570                 575
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asp Cys Leu
            580                 585                 590
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
        595                 600                 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
    610                 615                 620
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625                 630                 635                 640
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Ala Gln Val Ala Arg His Met Tyr
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
            660                 665                 670
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
        675                 680                 685
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
    690                 695                 700
Lys Gly Ala Trp Leu Asn Asp Met Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
705                 710                 715                 720
```

Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
725 730 735

Asp

<210> 40
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> >SEQ ID NO:40

<400> 40
Met Ser Pro Pro His Gly Phe Ser Ser Val Pro Ser Thr Ala Ala Arg
1 5 10 15
Arg Arg Leu Ser Ser Lys Ala Ser Leu Thr Asn Arg Pro Thr Phe Thr
20 25 30
Lys Ile Thr Thr Gln Thr Tyr Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly
35 40 45
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
50 55 60
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65 70 75 80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
85 90 95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
100 105 110
Phe Ile Gly Ala Gly Val Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
115 120 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
130 135 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145 150 155 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
165 170 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
180 185 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
195 200 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
210 215 220
Asn Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225 230 235 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
245 250 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
260 265 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
275 280 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ile
290 295 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val

```
305                 310                 315                 320
Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Ala Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Val Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Gln Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Met Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Val Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp
545                 550                 555                 560
Gln Val Leu Thr Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
                565                 570                 575
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asp Cys Leu
            580                 585                 590
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
        595                 600                 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
    610                 615                 620
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625                 630                 635                 640
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Ala Gln Val Ala Arg His Met Tyr
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
            660                 665                 670
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
        675                 680                 685
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
    690                 695                 700
Lys Gly Ala Trp Leu Asn Asp Met Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
705                 710                 715                 720
Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
                725                 730                 735

Asp
```

<210> 41
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> >SEQ ID NO:41

<400> 41
Met Ser Pro Pro His Gly Phe Ser Ser Val Pro Ser Thr Ala Ala Arg
1 5 10 15
Arg Arg Leu Ser Ser Lys Ala Ser Leu Thr Asn Arg Pro Thr Phe Thr
20 25 30
Lys Ile Thr Thr Gln Thr Tyr Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly
35 40 45
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
50 55 60
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65 70 75 80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
85 90 95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
100 105 110
Phe Ile Gly Ala Gly Val Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
115 120 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
130 135 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145 150 155 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
165 170 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
180 185 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
195 200 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
210 215 220
Asn Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225 230 235 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
245 250 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
260 265 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
275 280 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ile
290 295 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305 310 315 320
Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
325 330 335

```
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Ala Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Val Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Gln Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Ile Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp
545                 550                 555                 560
Gln Val Leu Thr Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
                565                 570                 575
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asp Cys Leu
            580                 585                 590
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
        595                 600                 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
    610                 615                 620
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625                 630                 635                 640
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Ala Gln Val Ala Arg His Met Tyr
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
            660                 665                 670
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
        675                 680                 685
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
    690                 695                 700
Lys Gly Ala Trp Leu Asn Asp Met Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
705                 710                 715                 720
Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
                725                 730                 735

Asp
```

<210> 42

<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> >SEQ ID NO:42

<400> 42
Met Ser Pro Pro His Gly Phe Ser Ser Val Pro Ser Thr Ala Ala Arg
1 5 10 15
Arg Arg Leu Ser Ser Lys Ala Ser Leu Thr Asn Arg Pro Thr Phe Thr
20 25 30
Lys Ile Thr Thr Gln Thr Tyr Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly
35 40 45
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
50 55 60
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65 70 75 80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
85 90 95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
100 105 110
Phe Ile Gly Ala Gly Val Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
115 120 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
130 135 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145 150 155 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
165 170 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
180 185 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
195 200 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
210 215 220
Asn Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225 230 235 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
245 250 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
260 265 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
275 280 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ile
290 295 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305 310 315 320
Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
325 330 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
340 345 350
Ile Thr Lys Asn Ala Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala

```
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Val Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Gln Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Val Asp Asp Pro Asp Ala Thr Ile Ile Tyr Asp
545                 550                 555                 560
Gln Val Leu Thr Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
                565                 570                 575
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asp Cys Leu
            580                 585                 590
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
        595                 600                 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
    610                 615                 620
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625                 630                 635                 640
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Ala Gln Val Ala Arg His Met Tyr
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
            660                 665                 670
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
        675                 680                 685
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
    690                 695                 700
Lys Gly Ala Trp Leu Asn Asp Met Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
705                 710                 715                 720
Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
                725                 730                 735
Asp
```

<210> 43
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> >SEQ ID NO:43

<400> 43

```
Met Ser Pro Pro His Gly Phe Ser Ser Val Pro Ser Thr Ala Ala Arg
1               5                  10                  15
Arg Arg Leu Ser Ser Lys Ala Ser Leu Thr Asn Arg Pro Thr Phe Thr
            20                  25                  30
Lys Ile Thr Thr Gln Thr Tyr Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly
        35                  40                  45
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
    50                  55                  60
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65                  70                  75                  80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
                85                  90                  95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
            100                 105                 110
Phe Ile Gly Ala Gly Val Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
        115                 120                 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
    130                 135                 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145                 150                 155                 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
                165                 170                 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
            180                 185                 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
        195                 200                 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
    210                 215                 220
Asn Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ile
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Ala Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Val Gly
    370                 375                 380
```

Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385 390 395 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
405 410 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
420 425 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
435 440 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
450 455 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465 470 475 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Gln Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
485 490 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
500 505 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
515 520 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
530 535 540
Cys Gly His Gly Ala Val Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp
545 550 555 560
Gln Val Leu Glu Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
565 570 575
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asp Cys Leu
580 585 590
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
595 600 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
610 615 620
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625 630 635 640
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Ala Gln Val Ala Arg His Met Tyr
645 650 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
660 665 670
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
675 680 685
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
690 695 700
Lys Gly Ala Trp Leu Asn Asp Met Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
705 710 715 720
Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
725 730 735
Asp

<210> 44
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>

<223> >SEQ ID NO:44

<400> 44

```
Met Ser Pro Pro His Gly Phe Ser Ser Val Pro Ser Thr Ala Ala Arg
1               5                  10                  15
Arg Arg Leu Ser Ser Lys Ala Ser Leu Thr Asn Arg Pro Thr Phe Thr
            20                  25                  30
Lys Ile Thr Thr Gln Thr Tyr Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly
        35                  40                  45
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
    50                  55                  60
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65                  70                  75                  80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
                85                  90                  95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
            100                 105                 110
Phe Ile Gly Ala Gly Val Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
        115                 120                 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
    130                 135                 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145                 150                 155                 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
                165                 170                 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
            180                 185                 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
        195                 200                 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
    210                 215                 220
Asn Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ile
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Ala Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Val Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
```

```
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Gln Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Val Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp
545                 550                 555                 560
Gln Val Leu Thr Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
                565                 570                 575
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asn Cys Leu
            580                 585                 590
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
        595                 600                 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
    610                 615                 620
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625                 630                 635                 640
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Ala Gln Val Ala Arg His Met Tyr
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
            660                 665                 670
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
        675                 680                 685
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
    690                 695                 700
Lys Gly Ala Trp Leu Asn Asp Met Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
705                 710                 715                 720
Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
                725                 730                 735
Asp
```

<210> 45
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> >SEQ ID NO:45

<400> 45

```
Met Ser Pro Pro His Gly Phe Ser Ser Val Pro Ser Thr Ala Ala Arg
1               5                  10                  15
Arg Arg Leu Ser Ser Lys Ala Ser Leu Thr Asn Arg Pro Thr Phe Thr
            20                  25                  30
Lys Ile Thr Thr Gln Thr Tyr Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly
        35                  40                  45
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
    50                  55                  60
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65                  70                  75                  80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
                85                  90                  95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
            100                 105                 110
Phe Ile Gly Ala Gly Val Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
        115                 120                 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
    130                 135                 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145                 150                 155                 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
                165                 170                 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
            180                 185                 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
        195                 200                 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
    210                 215                 220
Asn Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ile
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Ala Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Val Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
```

```
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Gln Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Val Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp
545                 550                 555                 560
Gln Val Leu Thr Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
                565                 570                 575
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Ala Cys Leu
            580                 585                 590
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
        595                 600                 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
    610                 615                 620
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625                 630                 635                 640
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Ala Gln Val Ala Arg His Met Tyr
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
            660                 665                 670
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
        675                 680                 685
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
    690                 695                 700
Lys Gly Ala Trp Leu Asn Asp Met Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
705                 710                 715                 720
Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
                725                 730                 735
Asp
```

<210> 46
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> >SEQ ID NO:46

<400> 46

```
Met Ser Pro Pro His Gly Phe Ser Ser Val Pro Ser Thr Ala Ala Arg
1               5                   10                  15
Arg Arg Leu Ser Ser Lys Ala Ser Leu Thr Asn Arg Pro Thr Phe Thr
```

```
            20                  25                  30
Lys Ile Thr Thr Gln Thr Tyr Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly
        35                  40                  45
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
    50                  55                  60
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65                  70                  75                  80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
                85                  90                  95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
            100                 105                 110
Phe Ile Gly Ala Gly Val Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
        115                 120                 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
    130                 135                 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145                 150                 155                 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
                165                 170                 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
            180                 185                 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
        195                 200                 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
    210                 215                 220
Asn Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ile
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Ala Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Val Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
```

```
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Gln Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Val Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp
545                 550                 555                 560
Gln Val Leu Thr Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
                565                 570                 575
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asp Cys Leu
            580                 585                 590
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
        595                 600                 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
    610                 615                 620
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625                 630                 635                 640
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Glu Gln Val Ala Arg His Met Tyr
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
            660                 665                 670
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
        675                 680                 685
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
    690                 695                 700
Lys Gly Ala Trp Leu Asn Asp Met Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
705                 710                 715                 720
Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
                725                 730                 735
Asp
```

<210> 47
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> >SEQ ID NO:47

<400> 47

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

```
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
    50                  55                  60
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65                  70                  75                  80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
                85                  90                  95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
            100                 105                 110
Phe Ile Gly Ala Gly Val Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
        115                 120                 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
    130                 135                 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145                 150                 155                 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
                165                 170                 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
            180                 185                 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
        195                 200                 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
    210                 215                 220
Asn Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ile
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Ala Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Val Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
```

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

<210> 48
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> >SEQ ID NO:48

```
<400> 48
Met Ser Pro Pro His Gly Phe Ser Ser Val Pro Ser Thr Ala Ala Arg
1               5                   10                  15
Arg Arg Leu Ser Ser Lys Ala Ser Leu Thr Asn Arg Pro Thr Phe Thr
            20                  25                  30
Lys Ile Thr Thr Gln Thr Tyr Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly
        35                  40                  45
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
    50                  55                  60
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
```

65 70 75 80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
85 90 95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
100 105 110
Phe Ile Gly Ala Gly Val Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
115 120 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
130 135 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145 150 155 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
165 170 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
180 185 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
195 200 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
210 215 220
Asn Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225 230 235 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
245 250 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
260 265 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
275 280 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ile
290 295 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305 310 315 320
Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
325 330 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
340 345 350
Ile Thr Lys Asn Ala Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
355 360 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Val Gly
370 375 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385 390 395 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
405 410 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
420 425 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
435 440 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
450 455 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465 470 475 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Gln Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
485 490 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys

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

<210> 49
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> >SEQ ID NO:49

<400> 49

```
Met Ser Pro Pro His Gly Phe Ser Ser Val Pro Ser Thr Ala Ala Arg
1               5                   10                  15
Arg Arg Leu Ser Ser Lys Ala Ser Leu Thr Asn Arg Pro Thr Phe Thr
            20                  25                  30
Lys Ile Thr Thr Gln Thr Tyr Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly
        35                  40                  45
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
    50                  55                  60
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65                  70                  75                  80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
                85                  90                  95
```

```
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
            100                 105                 110
Phe Ile Gly Ala Gly Val Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
        115                 120                 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
    130                 135                 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145                 150                 155                 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
                165                 170                 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
            180                 185                 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
        195                 200                 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
    210                 215                 220
Asn Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ile
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Ala Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Val Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Gln Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
```

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

<210> 50
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> >SEQ ID NO:50

```
<400> 50
Met Ser Pro Pro His Gly Phe Ser Ser Val Pro Ser Thr Ala Ala Arg
1               5                   10                  15
Arg Arg Leu Ser Ser Lys Ala Ser Leu Thr Asn Arg Pro Thr Phe Thr
            20                  25                  30
Lys Ile Thr Thr Gln Thr Tyr Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly
        35                  40                  45
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
    50                  55                  60
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65                  70                  75                  80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
                85                  90                  95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
            100                 105                 110
Phe Ile Gly Ala Gly Val Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
```

```
        115                 120                 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
    130                 135                 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145                 150                 155                 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
                165                 170                 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
            180                 185                 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
        195                 200                 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
    210                 215                 220
Asn Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ile
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Ala Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Val Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Gln Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Ile Asp Asp Pro Asp Ala Thr Ile Ile Tyr Asp
```

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

<210> 51
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> >SEQ ID NO:51

<400> 51

```
Met Ser Pro Pro His Gly Phe Ser Ser Val Pro Ser Thr Ala Ala Arg
1               5                   10                  15
Arg Arg Leu Ser Ser Lys Ala Ser Leu Thr Asn Arg Pro Thr Phe Thr
            20                  25                  30
Lys Ile Thr Thr Gln Thr Tyr Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly
        35                  40                  45
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
    50                  55                  60
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65                  70                  75                  80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
                85                  90                  95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
            100                 105                 110
Phe Ile Gly Ala Gly Val Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
        115                 120                 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
    130                 135                 140
```

```
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145                 150                 155                 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
                165                 170                 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
            180                 185                 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
        195                 200                 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
    210                 215                 220
Val Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ile
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Ala Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Val Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Leu Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Val Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp
545                 550                 555                 560
Gln Val Leu Glu Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
                565                 570                 575
```

```
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asn Cys Leu
            580                 585                 590
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
        595                 600                 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
    610                 615                 620
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625                 630                 635                 640
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Ala Gln Val Ala Arg His Met Tyr
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
            660                 665                 670
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
        675                 680                 685
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
    690                 695                 700
Lys Gly Ala Trp Leu Asn Asp Met Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
705                 710                 715                 720
Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
                725                 730                 735
Asp
```

<210> 52
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> >SEQ ID NO:52

<400> 52

```
Met Ser Pro Pro His Gly Phe Ser Ser Val Pro Ser Thr Ala Ala Arg
1               5                   10                  15
Arg Arg Leu Ser Ser Lys Ala Ser Leu Thr Asn Arg Pro Thr Phe Thr
            20                  25                  30
Lys Ile Thr Thr Gln Thr Tyr Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly
        35                  40                  45
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
    50                  55                  60
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65                  70                  75                  80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
                85                  90                  95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
            100                 105                 110
Phe Ile Gly Ala Gly Val Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
        115                 120                 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
    130                 135                 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145                 150                 155                 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
```

```
                165                 170                 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
            180                 185                 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
        195                 200                 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
    210                 215                 220
Asn Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ile
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Ile Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Ala Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Val Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Gln Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Ile Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp
545                 550                 555                 560
Gln Val Leu Glu Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
                565                 570                 575
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asn Cys Leu
            580                 585                 590
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
```

595 600 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
610 615 620
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625 630 635 640
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Ala Gln Val Ala Arg His Met Tyr
645 650 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
660 665 670
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
675 680 685
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
690 695 700
Lys Gly Ala Trp Leu Asn Asp Met Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
705 710 715 720
Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
725 730 735
Asp

<210> 53
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> >SEQ ID NO:53

<400> 53
Met Ser Pro Pro His Gly Phe Ser Ser Val Pro Ser Thr Ala Ala Arg
1 5 10 15
Arg Arg Leu Ser Ser Lys Ala Ser Leu Thr Asn Arg Pro Thr Phe Thr
20 25 30
Lys Ile Thr Thr Gln Thr Tyr Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly
35 40 45
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
50 55 60
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65 70 75 80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
85 90 95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
100 105 110
Phe Ile Gly Ala Gly Val Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
115 120 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
130 135 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145 150 155 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
165 170 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
180 185 190

```
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
        195                 200                 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
    210                 215                 220
Val Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ile
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Ile Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Ala Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Val Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Leu Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Val Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp
545                 550                 555                 560
Gln Val Leu Thr Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
                565                 570                 575
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asn Cys Leu
            580                 585                 590
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
        595                 600                 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
    610                 615                 620
```

```
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625                 630                 635                 640
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Ala Gln Val Ala Arg His Met Tyr
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
            660                 665                 670
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
        675                 680                 685
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
    690                 695                 700
Lys Gly Ala Trp Leu Asn Asp Met Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
705                 710                 715                 720
Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
                725                 730                 735
Asp
```

<210> 54
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> >SEQ ID NO:54

<400> 54

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

```
    210                 215                 220
Val Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ile
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Ala Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Val Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Leu Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Ile Asp Asp Pro Asp Ala Thr Ile Ile Tyr Asp
545                 550                 555                 560
Gln Val Leu Thr Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
                565                 570                 575
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asn Cys Leu
            580                 585                 590
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
        595                 600                 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
    610                 615                 620
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625                 630                 635                 640
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Ala Gln Val Ala Arg His Met Tyr
```

```
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
            660                 665                 670
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
        675                 680                 685
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
    690                 695                 700
Lys Gly Ala Trp Leu Asn Asp Met Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
705                 710                 715                 720
Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
                725                 730                 735
Asp
```

<210> 55
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> >SEQ ID NO:55

<400> 55

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

```
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ile
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Ala Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Val Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Leu Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Ile Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp
545                 550                 555                 560
Gln Val Leu Glu Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
                565                 570                 575
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asn Cys Leu
            580                 585                 590
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
        595                 600                 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
    610                 615                 620
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625                 630                 635                 640
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Ala Gln Val Ala Arg His Met Tyr
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
            660                 665                 670
```

```
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
        675                 680                 685
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
    690                 695                 700
Lys Gly Ala Trp Leu Asn Asp Met Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
705                 710                 715                 720
Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
                725                 730                 735
Asp
```

<210> 56
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> >SEQ ID NO:56

<400> 56

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

```
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ile
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Ala Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Val Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Gln Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Ile Asp Asp Pro Asp Ala Thr Ile Ile Tyr Asp
545                 550                 555                 560
Gln Val Leu Glu Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
                565                 570                 575
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asn Cys Leu
            580                 585                 590
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
        595                 600                 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
    610                 615                 620
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625                 630                 635                 640
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Ala Gln Val Ala Arg His Met Tyr
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
            660                 665                 670
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
        675                 680                 685
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
```

690 695 700
Lys Gly Ala Trp Leu Asn Asp Met Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
705 710 715 720
Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
725 730 735
Asp

<210> 57
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> >SEQ ID NO:57

<400> 57
Met Ser Pro Pro His Gly Phe Ser Ser Val Pro Ser Thr Ala Ala Arg
1 5 10 15
Arg Arg Leu Ser Ser Lys Ala Ser Leu Thr Asn Arg Pro Thr Phe Thr
20 25 30
Lys Ile Thr Thr Gln Thr Tyr Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly
35 40 45
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
50 55 60
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65 70 75 80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
85 90 95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
100 105 110
Phe Ile Gly Ala Gly Val Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
115 120 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
130 135 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145 150 155 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
165 170 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
180 185 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
195 200 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
210 215 220
Val Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225 230 235 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
245 250 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
260 265 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
275 280 285

```
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ile
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Ala Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Val Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Gln Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Ile Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp
545                 550                 555                 560
Gln Val Leu Glu Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
                565                 570                 575
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asn Cys Leu
            580                 585                 590
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
        595                 600                 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
    610                 615                 620
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625                 630                 635                 640
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Glu Gln Val Ala Arg His Met Tyr
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
            660                 665                 670
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
        675                 680                 685
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
    690                 695                 700
Lys Gly Ala Trp Leu Asn Asp Met Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
705                 710                 715                 720
```

Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
725 730 735
Asp

<210> 58
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> >SEQ ID NO:58

<400> 58
Met Ser Pro Pro His Gly Phe Ser Ser Val Pro Ser Thr Ala Ala Arg
1 5 10 15
Arg Arg Leu Ser Ser Lys Ala Ser Leu Thr Asn Arg Pro Thr Phe Thr
20 25 30
Lys Ile Thr Thr Gln Thr Tyr Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly
35 40 45
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
50 55 60
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65 70 75 80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
85 90 95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
100 105 110
Phe Ile Gly Ala Gly Val Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
115 120 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
130 135 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145 150 155 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
165 170 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
180 185 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
195 200 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
210 215 220
Asn Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225 230 235 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
245 250 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
260 265 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
275 280 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ile
290 295 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val

```
305                 310                 315                 320
Phe Arg Ile Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Ala Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Val Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Gln Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Ile Asp Asp Pro Asp Ala Thr Ile Ile Tyr Asp
545                 550                 555                 560
Gln Val Leu Glu Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
                565                 570                 575
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asn Cys Leu
            580                 585                 590
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
        595                 600                 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
    610                 615                 620
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625                 630                 635                 640
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Ala Gln Val Ala Arg His Met Tyr
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
            660                 665                 670
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
        675                 680                 685
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
    690                 695                 700
Lys Gly Ala Trp Leu Asn Asp Met Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
705                 710                 715                 720
Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
                725                 730                 735

Asp
```

<210> 59
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> >SEQ ID NO:59

<400> 59

```
Met Ser Pro Pro His Gly Phe Ser Ser Val Pro Ser Thr Ala Ala Arg
1               5                  10                  15
Arg Arg Leu Ser Ser Lys Ala Ser Leu Thr Asn Arg Pro Thr Phe Thr
            20                  25                  30
Lys Ile Thr Thr Gln Thr Tyr Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly
        35                  40                  45
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
    50                  55                  60
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65                  70                  75                  80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
                85                  90                  95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
            100                 105                 110
Phe Ile Gly Ala Gly Val Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
        115                 120                 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
    130                 135                 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145                 150                 155                 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
                165                 170                 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
            180                 185                 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
        195                 200                 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
    210                 215                 220
Asn Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ile
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Ile Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
```

```
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Ala Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Val Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Leu Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Ile Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp
545                 550                 555                 560
Gln Val Leu Thr Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
                565                 570                 575
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asn Cys Leu
            580                 585                 590
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
        595                 600                 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
    610                 615                 620
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625                 630                 635                 640
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Glu Gln Val Ala Arg His Met Tyr
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
            660                 665                 670
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
        675                 680                 685
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
    690                 695                 700
Lys Gly Ala Trp Leu Asn Asp Met Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
705                 710                 715                 720
Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
                725                 730                 735
Asp
```

<210> 60

<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> >SEQ ID NO:60

<400> 60

```
Met Ser Pro Pro His Gly Phe Ser Ser Val Pro Ser Thr Ala Ala Arg
1               5                  10                  15
Arg Arg Leu Ser Ser Lys Ala Ser Leu Thr Asn Arg Pro Thr Phe Thr
            20                  25                  30
Lys Ile Thr Thr Gln Thr Tyr Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly
        35                  40                  45
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
    50                  55                  60
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65                  70                  75                  80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
                85                  90                  95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
            100                 105                 110
Phe Ile Gly Ala Gly Val Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
        115                 120                 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
    130                 135                 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145                 150                 155                 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
                165                 170                 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
            180                 185                 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
        195                 200                 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
    210                 215                 220
Val Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ile
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Ala Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
```

```
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Val Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Ala Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Ile Asp Asp Pro Asp Ala Thr Ile Ile Tyr Asp
545                 550                 555                 560
Gln Val Leu Glu Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
                565                 570                 575
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asn Cys Leu
            580                 585                 590
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
        595                 600                 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
    610                 615                 620
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625                 630                 635                 640
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Ala Gln Val Ala Arg His Met Tyr
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
            660                 665                 670
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
        675                 680                 685
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
    690                 695                 700
Lys Gly Ala Trp Leu Asn Asp Met Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
705                 710                 715                 720
Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
                725                 730                 735
Asp
```

<210> 61
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> >SEQ ID NO:61

<400> 61

```
Met Ser Pro Pro His Gly Phe Ser Ser Val Pro Ser Thr Ala Ala Arg
1               5                  10                  15
Arg Arg Leu Ser Ser Lys Ala Ser Leu Thr Asn Arg Pro Thr Phe Thr
            20                  25                  30
Lys Ile Thr Thr Gln Thr Tyr Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly
        35                  40                  45
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
    50                  55                  60
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65                  70                  75                  80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
                85                  90                  95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
            100                 105                 110
Phe Ile Gly Ala Gly Val Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
        115                 120                 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
    130                 135                 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145                 150                 155                 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
                165                 170                 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
            180                 185                 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
        195                 200                 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
    210                 215                 220
Val Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ile
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Ala Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Val Gly
    370                 375                 380
```

```
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Gln Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Ile Asp Asp Pro Asp Ala Thr Ile Ile Tyr Asp
545                 550                 555                 560
Gln Val Leu Glu Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
                565                 570                 575
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asn Cys Leu
            580                 585                 590
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
        595                 600                 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
    610                 615                 620
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625                 630                 635                 640
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Glu Gln Val Ala Arg His Met Tyr
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
            660                 665                 670
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
        675                 680                 685
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
    690                 695                 700
Lys Gly Ala Trp Leu Asn Asp Met Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
705                 710                 715                 720
Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
                725                 730                 735
Asp
```

<210> 62
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>

<223> >SEQ ID NO:62

<400> 62

```
Met Ser Pro Pro His Gly Phe Ser Ser Val Pro Ser Thr Ala Ala Arg
1               5                  10                  15
Arg Arg Leu Ser Ser Lys Ala Ser Leu Thr Asn Arg Pro Thr Phe Thr
            20                  25                  30
Lys Ile Thr Thr Gln Thr Tyr Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly
        35                  40                  45
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
    50                  55                  60
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65                  70                  75                  80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
                85                  90                  95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
            100                 105                 110
Phe Ile Gly Ala Gly Val Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
        115                 120                 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
    130                 135                 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145                 150                 155                 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
                165                 170                 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
            180                 185                 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
        195                 200                 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
    210                 215                 220
Val Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ile
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Ile Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Ala Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Val Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
```

```
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Leu Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Ile Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp
545                 550                 555                 560
Gln Val Leu Glu Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
                565                 570                 575
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asn Cys Leu
            580                 585                 590
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
        595                 600                 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
    610                 615                 620
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625                 630                 635                 640
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Ala Gln Val Ala Arg His Met Tyr
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
            660                 665                 670
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
        675                 680                 685
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
    690                 695                 700
Lys Gly Ala Trp Leu Asn Asp Met Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
705                 710                 715                 720
Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
                725                 730                 735
Asp
```

<210> 63
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> >SEQ ID NO:63

<400> 63

```
Met Ser Pro Pro His Gly Phe Ser Ser Val Pro Ser Thr Ala Ala Arg
1               5                  10                  15
Arg Arg Leu Ser Ser Lys Ala Ser Leu Thr Asn Arg Pro Thr Phe Thr
            20                  25                  30
Lys Ile Thr Thr Gln Thr Tyr Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly
        35                  40                  45
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
    50                  55                  60
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65                  70                  75                  80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
                85                  90                  95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
            100                 105                 110
Phe Ile Gly Ala Gly Val Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
        115                 120                 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
    130                 135                 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145                 150                 155                 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
                165                 170                 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
            180                 185                 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
        195                 200                 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
    210                 215                 220
Val Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ile
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Ile Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Ala Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Val Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
```

```
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Leu Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Ile Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp
545                 550                 555                 560
Gln Val Leu Thr Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
                565                 570                 575
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asn Cys Leu
            580                 585                 590
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
        595                 600                 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
    610                 615                 620
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625                 630                 635                 640
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Glu Gln Val Ala Arg His Met Tyr
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
            660                 665                 670
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
        675                 680                 685
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
    690                 695                 700
Lys Gly Ala Trp Leu Asn Asp Met Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
705                 710                 715                 720
Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
                725                 730                 735
Asp
```

<210> 64
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> >SEQ ID NO:64

<400> 64

```
Met Ser Pro Pro His Gly Phe Ser Ser Val Pro Ser Thr Ala Ala Arg
1               5                   10                  15
Arg Arg Leu Ser Ser Lys Ala Ser Leu Thr Asn Arg Pro Thr Phe Thr
```

```
            20                  25                  30
Lys Ile Thr Thr Gln Thr Tyr Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly
        35                  40                  45
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
    50                  55                  60
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65                  70                  75                  80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
                85                  90                  95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
            100                 105                 110
Phe Ile Gly Ala Gly Val Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
        115                 120                 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
    130                 135                 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145                 150                 155                 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
                165                 170                 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
            180                 185                 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
        195                 200                 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
    210                 215                 220
Val Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ile
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Ile Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Ala Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Val Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
```

```
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Ala Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Ile Asp Asp Pro Asp Ala Thr Ile Ile Tyr Asp
545                 550                 555                 560
Gln Val Leu Thr Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
                565                 570                 575
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asn Cys Leu
            580                 585                 590
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
        595                 600                 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
    610                 615                 620
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625                 630                 635                 640
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Ala Gln Val Ala Arg His Met Tyr
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
            660                 665                 670
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
        675                 680                 685
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
    690                 695                 700
Lys Gly Ala Trp Leu Asn Asp Met Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
705                 710                 715                 720
Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
                725                 730                 735
Asp
```

<210> 65
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> >SEQ ID NO:65

<400> 65

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

```
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
    50                  55                  60
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65                  70                  75                  80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
                85                  90                  95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
            100                 105                 110
Phe Ile Gly Ala Gly Val Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
        115                 120                 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
    130                 135                 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145                 150                 155                 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
                165                 170                 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
            180                 185                 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
        195                 200                 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
    210                 215                 220
Val Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ile
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Ile Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Ala Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Val Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
```

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

<210> 66
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> >SEQ ID NO:66

<400> 66

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

65 70 75 80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
85 90 95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
100 105 110
Phe Ile Gly Ala Gly Val Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
115 120 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
130 135 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145 150 155 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
165 170 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
180 185 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
195 200 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
210 215 220
Asn Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225 230 235 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
245 250 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
260 265 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
275 280 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ile
290 295 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305 310 315 320
Phe Arg Ile Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
325 330 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Tyr Asp Ala Trp
340 345 350
Ile Thr Lys Asn Ala Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
355 360 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Val Gly
370 375 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385 390 395 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
405 410 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
420 425 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
435 440 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
450 455 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465 470 475 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Leu Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
485 490 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys

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

<210> 67
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> >SEQ ID NO:67

<400> 67

```
Met Ser Pro Pro His Gly Phe Ser Ser Val Pro Ser Thr Ala Ala Arg
1               5                   10                  15
Arg Arg Leu Ser Ser Lys Ala Ser Leu Thr Asn Arg Pro Thr Phe Thr
            20                  25                  30
Lys Ile Thr Thr Gln Thr Tyr Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly
        35                  40                  45
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
    50                  55                  60
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65                  70                  75                  80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
                85                  90                  95
```

```
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
            100                 105                 110
Phe Ile Gly Ala Gly Val Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
        115                 120                 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
    130                 135                 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145                 150                 155                 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
                165                 170                 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
            180                 185                 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
        195                 200                 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
    210                 215                 220
Asn Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ile
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Ile Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Ala Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Val Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Ala Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
```

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

<210> 68
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> >SEQ ID NO:68

<400> 68

```
Met Ser Pro Pro His Gly Phe Ser Ser Val Pro Ser Thr Ala Ala Arg
1               5                   10                  15
Arg Arg Leu Ser Ser Lys Ala Ser Leu Thr Asn Arg Pro Thr Phe Thr
            20                  25                  30
Lys Ile Thr Thr Gln Thr Tyr Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly
        35                  40                  45
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
    50                  55                  60
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65                  70                  75                  80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
                85                  90                  95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
            100                 105                 110
Phe Ile Gly Ala Gly Val Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
```

```
        115                 120                 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
    130                 135                 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145                 150                 155                 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
                165                 170                 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
            180                 185                 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
        195                 200                 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
    210                 215                 220
Asn Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ile
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Ala Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Val Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Ala Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Ile Asp Asp Pro Asp Ala Thr Ile Ile Tyr Asp
```

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

<210> 69
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> >SEQ ID NO:69

<400> 69

```
Met Ser Pro Pro His Gly Phe Ser Ser Val Pro Ser Thr Ala Ala Arg
1               5                  10                  15
Arg Arg Leu Ser Ser Lys Ala Ser Leu Thr Asn Arg Pro Thr Phe Thr
            20                  25                  30
Lys Ile Thr Thr Gln Thr Tyr Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly
        35                  40                  45
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
    50                  55                  60
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65                  70                  75                  80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
                85                  90                  95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
            100                 105                 110
Phe Ile Gly Ala Gly Val Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
        115                 120                 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
    130                 135                 140
```

```
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145                 150                 155                 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
                165                 170                 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
            180                 185                 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
        195                 200                 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
    210                 215                 220
Asn Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ile
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Ala Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Val Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Leu Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Ile Asp Asp Pro Asp Ala Thr Ile Ile Tyr Asp
545                 550                 555                 560
Gln Val Leu Glu Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
                565                 570                 575
```

```
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asn Cys Leu
            580                 585                 590
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
        595                 600                 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
    610                 615                 620
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625                 630                 635                 640
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Glu Gln Val Ala Arg His Met Tyr
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
            660                 665                 670
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
        675                 680                 685
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
    690                 695                 700
Lys Gly Ala Trp Leu Asn Asp Met Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
705                 710                 715                 720
Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
                725                 730                 735
Asp
```

<210> 70
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> >SEQ ID NO:70

<400> 70

```
Met Ser Pro Pro His Gly Phe Ser Ser Val Pro Ser Thr Ala Ala Arg
1               5                   10                  15
Arg Arg Leu Ser Ser Lys Ala Ser Leu Thr Asn Arg Pro Thr Phe Thr
            20                  25                  30
Lys Ile Thr Thr Gln Thr Tyr Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly
        35                  40                  45
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
    50                  55                  60
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65                  70                  75                  80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
                85                  90                  95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
            100                 105                 110
Phe Ile Gly Ala Gly Val Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
        115                 120                 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
    130                 135                 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145                 150                 155                 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
```

```
                165                 170                 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
            180                 185                 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
        195                 200                 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
    210                 215                 220
Val Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ile
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Ile Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Tyr Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Ala Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Val Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Gln Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Ile Asp Asp Pro Asp Ala Thr Ile Ile Tyr Asp
545                 550                 555                 560
Gln Val Leu Thr Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
                565                 570                 575
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asn Cys Leu
            580                 585                 590
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
```

```
        595                 600                 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
    610                 615                 620
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625                 630                 635                 640
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Glu Gln Val Ala Arg His Met Tyr
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
            660                 665                 670
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
        675                 680                 685
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
    690                 695                 700
Lys Gly Ala Trp Leu Asn Asp Met Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
705                 710                 715                 720
Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
                725                 730                 735
Asp
```

<210> 71
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> >SEQ ID NO:71

```
<400> 71
Met Ser Pro Pro His Gly Phe Ser Ser Val Pro Ser Thr Ala Ala Arg
1               5                   10                  15
Arg Arg Leu Ser Ser Lys Ala Ser Leu Thr Asn Arg Pro Thr Phe Thr
            20                  25                  30
Lys Ile Thr Thr Gln Thr Tyr Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly
        35                  40                  45
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
    50                  55                  60
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65                  70                  75                  80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
                85                  90                  95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
            100                 105                 110
Phe Ile Gly Ala Gly Val Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
        115                 120                 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
    130                 135                 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145                 150                 155                 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
                165                 170                 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
            180                 185                 190
```

```
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
        195                 200                 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
    210                 215                 220
Val Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ile
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Ile Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Ala Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Val Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Leu Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Ile Asp Asp Pro Asp Ala Thr Ile Ile Tyr Asp
545                 550                 555                 560
Gln Val Leu Thr Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
                565                 570                 575
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asn Cys Leu
            580                 585                 590
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
        595                 600                 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
    610                 615                 620
```

```
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625                 630                 635                 640
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Glu Gln Val Ala Arg His Met Tyr
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
            660                 665                 670
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
        675                 680                 685
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
    690                 695                 700
Lys Gly Ala Trp Leu Asn Asp Met Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
705                 710                 715                 720
Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
                725                 730                 735
Asp
```

<210> 72
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> >SEQ ID NO:72

<400> 72

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

```
    210                 215                 220
Val Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ile
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Tyr Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Ala Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Val Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Ala Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Ile Asp Asp Pro Asp Ala Thr Ile Ile Tyr Asp
545                 550                 555                 560
Gln Val Leu Glu Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
                565                 570                 575
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asn Cys Leu
            580                 585                 590
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
        595                 600                 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
    610                 615                 620
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625                 630                 635                 640
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Ala Gln Val Ala Arg His Met Tyr
```

```
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
            660                 665                 670
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
        675                 680                 685
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
    690                 695                 700
Lys Gly Ala Trp Leu Asn Asp Met Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
705                 710                 715                 720
Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
                725                 730                 735
Asp
```

<210> 73
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> >SEQ ID NO:73

<400> 73

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

```
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ile
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Tyr Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Ala Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Val Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Leu Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Ile Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp
545                 550                 555                 560
Gln Val Leu Glu Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
                565                 570                 575
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asn Cys Leu
            580                 585                 590
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
        595                 600                 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
    610                 615                 620
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625                 630                 635                 640
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Glu Gln Val Ala Arg His Met Tyr
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
            660                 665                 670
```

```
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
        675                 680                 685
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
    690                 695                 700
Lys Gly Ala Trp Leu Asn Asp Met Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
705                 710                 715                 720
Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
                725                 730                 735
Asp
```

<210> 74
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> >SEQ ID NO:74

```
<400> 74
Met Ser Pro Pro His Gly Phe Ser Ser Val Pro Ser Thr Ala Ala Arg
1               5                   10                  15
Arg Arg Leu Ser Ser Lys Ala Ser Leu Thr Asn Arg Pro Thr Phe Thr
            20                  25                  30
Lys Ile Thr Thr Gln Thr Tyr Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly
        35                  40                  45
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
    50                  55                  60
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65                  70                  75                  80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
                85                  90                  95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
            100                 105                 110
Phe Ile Gly Ala Gly Val Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
        115                 120                 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
    130                 135                 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145                 150                 155                 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
                165                 170                 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
            180                 185                 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
        195                 200                 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
    210                 215                 220
Val Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
```

```
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ile
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Ala Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Val Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Leu Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Ile Asp Asp Pro Asp Ala Thr Ile Ile Tyr Asp
545                 550                 555                 560
Gln Val Leu Glu Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
                565                 570                 575
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asn Cys Leu
            580                 585                 590
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
        595                 600                 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
    610                 615                 620
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625                 630                 635                 640
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Glu Gln Val Ala Arg His Met Tyr
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
            660                 665                 670
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
        675                 680                 685
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
```

```
    690                 695                 700
Lys Gly Ala Trp Leu Asn Asp Met Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
705                 710                 715                 720
Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
                725                 730                 735
Asp
```

<210> 75
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> >SEQ ID NO:75

<400> 75

```
Met Ser Pro Pro His Gly Phe Ser Ser Val Pro Ser Thr Ala Ala Arg
1               5                   10                  15
Arg Arg Leu Ser Ser Lys Ala Ser Leu Thr Asn Arg Pro Thr Phe Thr
            20                  25                  30
Lys Ile Thr Thr Gln Thr Tyr Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly
        35                  40                  45
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
    50                  55                  60
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65                  70                  75                  80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
                85                  90                  95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
            100                 105                 110
Phe Ile Gly Ala Gly Val Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
        115                 120                 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
    130                 135                 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145                 150                 155                 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
                165                 170                 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
            180                 185                 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
        195                 200                 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
    210                 215                 220
Val Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
```

```
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ile
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Ala Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Val Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Ala Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Ile Asp Asp Pro Asp Ala Thr Ile Ile Tyr Asp
545                 550                 555                 560
Gln Val Leu Glu Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
                565                 570                 575
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asn Cys Leu
            580                 585                 590
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
        595                 600                 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
    610                 615                 620
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625                 630                 635                 640
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Glu Gln Val Ala Arg His Met Tyr
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
            660                 665                 670
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
        675                 680                 685
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
    690                 695                 700
Lys Gly Ala Trp Leu Asn Asp Met Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
705                 710                 715                 720
```

Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
725 730 735
Asp

<210> 76
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> >SEQ ID NO:76

<400> 76
Met Ser Pro Pro His Gly Phe Ser Ser Val Pro Ser Thr Ala Ala Arg
1 5 10 15
Arg Arg Leu Ser Ser Lys Ala Ser Leu Thr Asn Arg Pro Thr Phe Thr
20 25 30
Lys Ile Thr Thr Gln Thr Tyr Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly
35 40 45
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
50 55 60
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65 70 75 80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
85 90 95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
100 105 110
Phe Ile Gly Ala Gly Val Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
115 120 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
130 135 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145 150 155 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
165 170 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
180 185 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
195 200 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
210 215 220
Asn Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225 230 235 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
245 250 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
260 265 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
275 280 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ile
290 295 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val

```
305                 310                 315                 320
Phe Arg Ile Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Ala Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Val Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Leu Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Ile Asp Asp Pro Asp Ala Thr Ile Ile Tyr Asp
545                 550                 555                 560
Gln Val Leu Glu Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
                565                 570                 575
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asn Cys Leu
            580                 585                 590
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
        595                 600                 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
    610                 615                 620
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625                 630                 635                 640
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Glu Gln Val Ala Arg His Met Tyr
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
            660                 665                 670
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
        675                 680                 685
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
    690                 695                 700
Lys Gly Ala Trp Leu Asn Asp Met Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
705                 710                 715                 720
Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
                725                 730                 735
Asp
```

<210> 77
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> >SEQ ID NO:77

<400> 77

```
Met Ser Pro Pro His Gly Phe Ser Ser Val Pro Ser Thr Ala Ala Arg
1               5                  10                  15
Arg Arg Leu Ser Ser Lys Ala Ser Leu Thr Asn Arg Pro Thr Phe Thr
            20                  25                  30
Lys Ile Thr Thr Gln Thr Tyr Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly
        35                  40                  45
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
    50                  55                  60
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65                  70                  75                  80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
                85                  90                  95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
            100                 105                 110
Phe Ile Gly Ala Gly Val Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
        115                 120                 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
    130                 135                 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145                 150                 155                 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
                165                 170                 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
            180                 185                 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
        195                 200                 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
    210                 215                 220
Asn Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ile
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Ile Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
```

```
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Ala Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Val Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Leu Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Ile Asp Asp Pro Asp Ala Thr Ile Ile Tyr Asp
545                 550                 555                 560
Gln Val Leu Glu Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
                565                 570                 575
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asn Cys Leu
            580                 585                 590
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
        595                 600                 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
    610                 615                 620
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625                 630                 635                 640
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Glu Gln Val Ala Arg His Met Tyr
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
            660                 665                 670
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
        675                 680                 685
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
    690                 695                 700
Lys Gly Ala Trp Leu Asn Asp Met Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
705                 710                 715                 720
Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
                725                 730                 735
Asp
```

<210> 78

<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> >SEQ ID NO:78

<400> 78

```
Met Ser Pro Pro His Gly Phe Ser Ser Val Pro Ser Thr Ala Ala Arg
1               5                  10                  15
Arg Arg Leu Ser Ser Lys Ala Ser Leu Thr Asn Arg Pro Thr Phe Thr
            20                  25                  30
Lys Ile Thr Thr Gln Thr Tyr Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly
        35                  40                  45
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
    50                  55                  60
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65                  70                  75                  80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
                85                  90                  95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
            100                 105                 110
Phe Ile Gly Ala Gly Val Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
        115                 120                 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
    130                 135                 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145                 150                 155                 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
                165                 170                 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
            180                 185                 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
        195                 200                 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
    210                 215                 220
Val Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ile
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Ile Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Ala Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
```

```
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Val Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Ala Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Ile Asp Asp Pro Asp Ala Thr Ile Ile Tyr Asp
545                 550                 555                 560
Gln Val Leu Glu Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
                565                 570                 575
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asn Cys Leu
            580                 585                 590
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
        595                 600                 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
    610                 615                 620
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625                 630                 635                 640
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Glu Gln Val Ala Arg His Met Tyr
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
            660                 665                 670
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
        675                 680                 685
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
    690                 695                 700
Lys Gly Ala Trp Leu Asn Asp Met Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
705                 710                 715                 720
Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
                725                 730                 735
Asp
```

<210> 79
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> >SEQ ID NO:79

<400> 79

```
Met Ser Pro Pro His Gly Phe Ser Ser Val Pro Ser Thr Ala Ala Arg
1               5                  10                  15
Arg Arg Leu Ser Ser Lys Ala Ser Leu Thr Asn Arg Pro Thr Phe Thr
            20                  25                  30
Lys Ile Thr Thr Gln Thr Tyr Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly
        35                  40                  45
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
    50                  55                  60
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65                  70                  75                  80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
                85                  90                  95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
            100                 105                 110
Phe Ile Gly Ala Gly Val Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
        115                 120                 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
    130                 135                 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145                 150                 155                 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
                165                 170                 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
            180                 185                 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
        195                 200                 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
    210                 215                 220
Val Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ile
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Ile Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Ala Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Val Gly
    370                 375                 380
```

```
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Gly Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Ile Asp Asp Pro Asp Ala Thr Ile Ile Tyr Asp
545                 550                 555                 560
Gln Val Leu Glu Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
                565                 570                 575
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asn Cys Leu
            580                 585                 590
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
        595                 600                 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
    610                 615                 620
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625                 630                 635                 640
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Glu Gln Val Ala Arg His Met Tyr
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
            660                 665                 670
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
        675                 680                 685
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
    690                 695                 700
Lys Gly Ala Trp Leu Asn Asp Met Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
705                 710                 715                 720
Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
                725                 730                 735
Asp
```

<210> 80
<211> 696
<212> PRT
<213> Hypholoma sublateritium FD-334 SS-4

<220>

<223> >KJA27491.1

<400> 80

```
Met Trp Ala Ala Val Ala Gly Ala Val Ile Asn Asn Asn Thr Gln Tyr
1               5                  10                  15
Glu Ile Ala Val Ser Ile His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala
            20                  25                  30
Ser Ser Val Leu Ser Phe Asn Pro Asn Asn Pro Asp Lys Asn Ala Lys
        35                  40                  45
Glu Ile Glu Gln Tyr Val Leu Gln Thr Leu Arg Met Phe Ser Val Gly
    50                  55                  60
His Leu Cys Lys Phe Leu Gly Ala Gly Val Thr Leu Leu Leu Leu Lys
65                  70                  75                  80
Glu Ser Pro Asn Leu Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Met Asp Ile Val
                85                  90                  95
Pro Phe Val Phe Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg
            100                 105                 110
Pro Asn Ile Lys His Arg Ile Ser Ser Thr Thr Gly Ser Tyr Val Pro
        115                 120                 125
Ser Gly Ala Asp Thr Pro Thr Val Tyr Val Asp Ser Ala His Leu Thr
    130                 135                 140
Ala Met Ser Gly Leu Gln Thr Gly Val Ser Gly Arg Leu Pro Ile Pro
145                 150                 155                 160
Arg Thr Leu Asp Glu Gln Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Cys Leu Met
                165                 170                 175
Tyr Phe Gly Pro Gly Asn Asn Pro Arg Leu Ser Ile Gly Pro Arg Asn
            180                 185                 190
Gln Val Thr Val Asp Ser Ala Gly Lys Ala His Leu Ile Asp Asp Ile
        195                 200                 205
Asp Glu Tyr Lys Ala Thr Val Gly Pro Arg Thr Trp Asn Ala Val Val
    210                 215                 220
Lys Leu Ala Asp Glu Leu Arg Glu Lys Lys Val Lys Ile Gly Phe Phe
225                 230                 235                 240
Ser Ser Thr Pro Gln Gly Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu
                245                 250                 255
Ile Arg Phe Leu Thr Ala Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro
            260                 265                 270
Asn Pro Ser Pro Ser Val Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile
        275                 280                 285
Leu Gln Gly Val Ala Ala Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys
    290                 295                 300
Asp Asn Phe Asp Ala Trp Ile Leu Lys Asn Gly Leu Arg Trp Thr Ala
305                 310                 315                 320
Glu Gly Gly Pro Leu Ala Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp
                325                 330                 335
Asp Pro Gln Met Pro Gly Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Ile Arg Pro
            340                 345                 350
Asp Leu Pro Ile Val Tyr Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu
        355                 360                 365
Val His Val Pro Gly Ser Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp
    370                 375                 380
Asn Asn Ile Gln Leu Ala Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Asn Lys
385                 390                 395                 400
Phe Val Pro Ser Asp Val Pro Ile Glu Lys Leu Ala Leu Leu Gly Ala
```

```
                405                 410                 415
Ala Thr Asp Trp Leu Asp Gly Leu Asn Lys Glu Leu Asp Pro Trp Asp
            420                 425                 430
Ser Gln Tyr Tyr Met Gly Glu Phe Arg Asn Leu Cys Thr Lys Glu Lys
        435                 440                 445
Met His Thr Leu Asn Trp Pro Glu Arg Asp Tyr Val Val Gln Ile Ala
    450                 455                 460
Arg Phe Asp Pro Ala Lys Gly Ile Asn Asn Val Ile Asp Ser Tyr Tyr
465                 470                 475                 480
Lys Phe Arg Asn Met Leu Lys Glu Lys Ser Pro Asp Leu Thr Glu Glu
                485                 490                 495
Glu His Pro Gln Leu Leu Leu Cys Gly His Gly Ala Val Asp Asp Pro
            500                 505                 510
Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp Gln Val Leu Gln Leu Val Glu Ser Glu
        515                 520                 525
Pro Tyr Lys Thr Tyr Ala Lys Asp Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro
    530                 535                 540
Ser Asp Gln Leu Leu Asn Ala Leu Met Ala Asn Ser Arg Ile Ala Leu
545                 550                 555                 560
Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Leu
                565                 570                 575
His Ala Gly Lys Pro Val Ile Ala Ser Arg Thr Gly Gly Ile Pro Leu
            580                 585                 590
Gln Ile Glu His Gly Lys Ser Gly Tyr Leu Thr Thr Ala Gly Asp Asn
        595                 600                 605
Ala Ala Val Ala Asn His Leu Tyr Glu Leu Tyr Thr Asp Glu Ala Leu
    610                 615                 620
Tyr Arg Lys Met Ser Gln Tyr Ala Lys Thr His Val Ser Asp Glu Val
625                 630                 635                 640
Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ser Trp Leu Tyr Leu Ala Val Met Tyr
                645                 650                 655
His Arg Gly Ile Lys Ile Lys Pro Asn Gly Ala Trp Leu Asn Asp Met
            660                 665                 670
Leu Arg Glu Glu Thr Gly Glu Glu Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu
        675                 680                 685
Pro Arg Gly Gly Leu Thr Met Gln
    690                 695
```

<210> 81
<211> 732
<212> PRT
<213> Grifola frondosa

<220>
<223> ADM15725.1 trehaloza syntaza

<400> 81

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

```
Asn Asn Asn Ser Gln Phe Glu Val Ala Ile Ser Ile His Asp Ser Val
    50                  55                  60
Tyr Asn Thr Asp Phe Ala Ser Ser Ile Val Pro Tyr Ser Pro Asn Glu
65                  70                  75                  80
Pro Glu Ala Gln Ala Gly Ile Ile Glu Lys His Val Leu Glu Thr Leu
                85                  90                  95
Arg Lys Phe Ser Thr Glu His Met Cys Lys Phe Leu Gly Ala Gly Val
            100                 105                 110
Thr Val Ile Leu Leu Arg Glu Ala Pro Asn Leu Cys Thr Arg Leu Trp
        115                 120                 125
Leu Asp Met Asp Ile Val Pro Ile Val Phe Asn Ile Lys Pro Phe His
    130                 135                 140
Thr Asp Ser Ile Thr Arg Pro Asn Val Arg His Arg Ile Ser Ser Thr
145                 150                 155                 160
Thr Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu Thr Pro Thr Val Tyr Tyr
                165                 170                 175
Asp Pro Ala Gln Leu Gln Asp Pro Asn Lys Leu Ser Ala Asn Val Gln
            180                 185                 190
Thr Arg Leu Pro Ile Pro Arg Thr Val Asp Glu Gln Ala Asp Ser Ala
        195                 200                 205
Ala Arg Lys Cys Ile Met Tyr Phe Gly Pro Gly Asn Asn Pro Arg Leu
    210                 215                 220
Gln Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala Gly Gly Lys Ile
225                 230                 235                 240
His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr Val Gly Lys Gly
                245                 250                 255
Thr Trp Asn Ser Val Ile Lys Leu Ala Asp Glu Leu Arg Glu Lys Lys
            260                 265                 270
Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly Gly Gly Val Ala
        275                 280                 285
Leu Met Arg His Ala Ile Ile Arg Phe Phe Thr Ala Leu Asp Val Asp
    290                 295                 300
Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val Phe Arg Thr Thr
305                 310                 315                 320
Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Asp Pro Ser Leu Arg
                325                 330                 335
Leu Thr Lys Glu Ala Ala Asp Asn Phe Asp Ser Trp Ile Leu Lys Asn
            340                 345                 350
Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala Pro Gly Gly Val
        355                 360                 365
Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Val Pro Gly Leu Ile Pro Leu
    370                 375                 380
Ile Lys Arg Ile Arg Pro Asp Leu Pro Ile Ile Tyr Arg Ser His Ile
385                 390                 395                 400
Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Val Lys Gly Ser Pro Gln Glu Glu
                405                 410                 415
Val Trp Asn Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln His Ser Asp Leu Phe Ile
            420                 425                 430
Ser His Pro Val Asn Lys Phe Val Pro Ser Asp Val Pro Leu Glu Lys
        435                 440                 445
Leu Ala Leu Leu Gly Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp Gly Leu Ser Lys
    450                 455                 460
His Leu Asp Ala Trp Asp Ala Gln Tyr Tyr Met Gly Glu Phe Arg Asn
465                 470                 475                 480
```

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

<210> 82
<211> 737
<212> PRT
<213> Pleurotus ostreatus

<220>
<223> KDQ33172.1

```
<400> 82
Met Ser Thr His His Gln Phe Glu Ser Lys Pro Ser Thr Ala Ile Arg
1               5                   10                  15
Arg Arg Leu Ser Ser Ser Val Ser Ser Lys Gln Arg Pro Asn Met Thr
            20                  25                  30
Thr Thr Phe Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly Val Ala Gly Thr
        35                  40                  45
Leu Val Asn Asn Asn Thr Gln Tyr Glu Ile Ala Val Thr Val His Asp
    50                  55                  60
Gly Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Val Ile Ile Pro Val Thr Pro
65                  70                  75                  80
Gly Asp Thr Ala Lys Asn Ser Lys Asp Ile Glu Ala Gln Val Leu Asn
```

```
                85                  90                  95
Leu Ile Arg Lys Phe Ser Ala Glu His Leu Cys Lys Phe Leu Gly Ala
            100                 105                 110
Gly Ile Thr Leu Ala Leu Leu Lys Glu Cys Pro Asn Leu Cys Thr Arg
        115                 120                 125
Leu Trp Leu Asp Met Asp Ile Val Pro Ile Val Phe Asn Ile Lys Pro
    130                 135                 140
Phe His Thr Asp Ser Val Thr Arg Pro Asn Ile Lys His Arg Ile Ser
145                 150                 155                 160
Ser Thr Thr Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ser Glu Thr Pro Thr Val
                165                 170                 175
Tyr Val Glu Ala Ala His Leu Gly Asp Pro Ser His Leu Ser Pro Asn
            180                 185                 190
Ala Ala Gln Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln Ser Asp
        195                 200                 205
Ser Ala Ala Arg Lys Cys Leu Met Tyr Phe Gly Pro Asn Asn Asn Pro
    210                 215                 220
Arg Leu Ser Ile Gly Ala Arg Asn Gln Val Thr Val Asp Ala Gly Gly
225                 230                 235                 240
Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Leu Glu Glu Tyr Arg Lys Thr Val Gly
                245                 250                 255
Thr Gly Thr Trp Asn Ala Val Ile Lys Leu Ala Asp Glu Leu Arg Glu
            260                 265                 270
Lys Lys Val Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly Gly Gly
        275                 280                 285
Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Leu Thr Ala Leu Asp
    290                 295                 300
Val Asp Val Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Gln Val Phe Arg
305                 310                 315                 320
Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ala Pro Asp
                325                 330                 335
Leu Arg Leu Thr Gln Asp Ala Lys Asp Ala Phe Asp Ala Trp Ile Leu
            340                 345                 350
Lys Asn Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala Pro Gly
        355                 360                 365
Gly Val Asp Val Val Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Pro Gly Leu Ile
    370                 375                 380
Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Val Pro Ile Val Tyr Arg Ser
385                 390                 395                 400
His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Val Ala Gly Ser Pro Gln
                405                 410                 415
Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala Asp Leu
            420                 425                 430
Phe Ile Ser His Pro Val Ser Lys Phe Val Pro Ser Asp Val Pro Ile
        435                 440                 445
Glu Lys Leu Ala Leu Leu Gly Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp Gly Leu
    450                 455                 460
Asn Lys Asp Leu Asp Pro Trp Asp Ser Gln Phe Tyr Met Gly Glu Phe
465                 470                 475                 480
Arg Ser Leu Cys Ala Lys Glu Lys Met Val Glu Leu Asp Trp Pro Thr
                485                 490                 495
Arg Asp Tyr Ile Val Gln Val Ala Arg Phe Asp Pro Ser Lys Gly Ile
            500                 505                 510
Pro Asn Val Val Asp Ser Tyr Tyr Lys Phe Arg Asn Leu Leu Arg Thr
```

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

<210> 83
<211> 751
<212> PRT
<213> Lentinus sajor-caju

<220>
<223> Q9UV63.1

```
<400> 83
Met Ser Thr Pro His His Gln Phe Glu Ser Lys Ser Ser Thr Ala Ile
1               5                   10                  15
Arg Arg Arg Leu Ser Ser Ser Val Ser Ser Lys Gln Arg Pro Asn Ile
            20                  25                  30
Met Thr Thr Thr Phe Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly Val Ala
        35                  40                  45
Gly Thr Leu Val Asn Asn Asn Thr Gln Tyr Glu Ile Ala Val Thr Val
    50                  55                  60
His Asp Gly Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Val Ile Ile Pro Val
65                  70                  75                  80
Thr Pro Gly Asp Thr Val Lys Asn Ser Lys Asp Ile Glu Ala Gln Val
                85                  90                  95
Leu Asn Leu Ile Arg Lys Phe Ser Ala Glu His Leu Cys Lys Phe Leu
            100                 105                 110
```

```
Gly Ala Gly Ile Thr Leu Ala Leu Leu Lys Glu Cys Pro Asn Leu Cys
        115                 120                 125
Thr Arg Leu Trp Leu Asp Met Asp Ile Val Pro Ile Val Phe Asn Ile
    130                 135                 140
Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Val Thr Arg Pro Asn Ile Lys His Arg
145                 150                 155                 160
Ile Ser Ser Thr Thr Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ser Glu Thr Pro
                165                 170                 175
Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asp Pro Ser His Leu Ser
            180                 185                 190
Pro Asn Ala Ala Gln Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
        195                 200                 205
Ser Asp Ser Ala Ala Arg Lys Cys Leu Met Tyr Phe Gly Pro Asn Asn
    210                 215                 220
Asn Pro Arg Leu Ser Ile Gly Ala Arg Asn Pro Val Thr Val Asp Ala
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Leu Glu Glu Tyr Arg Met Thr
                245                 250                 255
Val Gly Ala Gly Thr Trp Asn Ala Val Ile Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Lys Lys Val Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Leu Thr Ala
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Val Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Gln Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ala
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Ala Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Leu Lys Asn Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Val Val Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Pro Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Val Pro Ile Val Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Asn Asp Leu Val His Val Ala Trp Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Ser Lys Phe Val Pro Ser Asp Val
        435                 440                 445
Pro Thr Glu Lys Leu Ala Leu Leu Gly Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Asp Leu Asp Pro Trp Asp Ser Pro Phe Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Pro Arg Gly Ser His Leu Asn Arg Gly Glu Phe Arg Ser
                485                 490                 495
Leu Cys Ala Lys Glu Lys Met His Glu Leu Asn Trp Pro Ala Arg Asp
            500                 505                 510
Tyr Ile Val Gln Val Ala Arg Phe Asp Pro Ser Lys Gly Ile Pro Asn
        515                 520                 525
Val Val Asp Ser Tyr Tyr Lys Phe Arg Asn Leu Leu Arg Thr Arg Ser
    530                 535                 540
```

```
Pro Asp Met Asp Glu Ser Glu His Pro Gln Leu Leu Ile Cys Gly His
545                 550                 555                 560
Gly Ala Val Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp Gln Ile Met
                565                 570                 575
Ala Leu Val Asn Ser Asp Pro Tyr Lys Glu Tyr Ala His Asp Ile Val
            580                 585                 590
Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Glu Leu Leu Asn Ala Met Met Ala
        595                 600                 605
Asn Ser Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe Glu Val
    610                 615                 620
Lys Val Ser Glu Ala Leu His Thr Gly Lys Pro Val Ile Ala Cys Arg
625                 630                 635                 640
Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Ile Gln His Gly Lys Ser Gly Tyr Leu
                645                 650                 655
Thr Thr Pro Gly Glu Lys Asp Ala Val Ala Gly His Phe Tyr Asp Phe
            660                 665                 670
Tyr Thr Asp Glu Ala Leu Tyr Arg Lys Met Ser Asp Phe Ala Arg Thr
        675                 680                 685
His Val Ser Asn Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala Trp Leu
    690                 695                 700
Tyr Leu Ala Val Met Tyr Ser Arg Gly Glu Lys Ile Lys Pro Asn Gly
705                 710                 715                 720
Ala Trp Ile Asn Asp Phe Phe Arg Glu Glu Thr Gly Glu Pro Tyr Lys
                725                 730                 735
Glu Gly Glu Thr Lys Leu Pro Arg Thr Lys Leu Asp Met Gln Gly
            740                 745                 750
```

<210> 84
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> SEQ ID NO: 84

<400> 84

```
Met Ser Pro Pro His Gly Phe Ser Ser Val Pro Ser Thr Ala Ala Arg
1               5                  10                  15
Arg Arg Leu Ser Ser Lys Ala Ser Leu Thr Asn Arg Pro Thr Phe Thr
            20                  25                  30
Lys Ile Thr Thr Gln Thr Tyr Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly
        35                  40                  45
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
    50                  55                  60
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65                  70                  75                  80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
                85                  90                  95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
            100                 105                 110
Phe Leu Gly Ala Gly Ile Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
        115                 120                 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
```

```
    130                 135                 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145                 150                 155                 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
                165                 170                 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
            180                 185                 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
        195                 200                 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
    210                 215                 220
Val Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ala
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Pro Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Gln Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Val Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp
545                 550                 555                 560
Gln Val Leu Thr Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
```

```
                565                 570                 575
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asp Cys Leu
            580                 585                 590
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
        595                 600                 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
    610                 615                 620
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625                 630                 635                 640
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Ala Gln Val Ala Arg His Met Tyr
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
            660                 665                 670
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
        675                 680                 685
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
    690                 695                 700
Lys Gly Ala Trp Leu Asn Asp Leu Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
705                 710                 715                 720
Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
                725                 730                 735
Asp
```

<210> 85
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> SEQ ID NO: 85

<400> 85

```
Met Ser Pro Pro His Gly Phe Ser Ser Val Pro Ser Thr Ala Ala Arg
1               5                   10                  15
Arg Arg Leu Ser Ser Lys Ala Ser Leu Thr Asn Arg Pro Thr Phe Thr
            20                  25                  30
Lys Ile Thr Thr Gln Thr Tyr Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly
        35                  40                  45
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
    50                  55                  60
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65                  70                  75                  80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
                85                  90                  95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
            100                 105                 110
Phe Leu Gly Ala Gly Ile Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
        115                 120                 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
    130                 135                 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145                 150                 155                 160
```

```
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
                165                 170                 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
            180                 185                 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
        195                 200                 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
    210                 215                 220
Asn Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ile
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Pro Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Gln Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Val Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp
545                 550                 555                 560
Gln Val Leu Thr Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
                565                 570                 575
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asp Cys Leu
            580                 585                 590
```

```
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
        595                 600                 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
    610                 615                 620
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625                 630                 635                 640
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Ala Gln Val Ala Arg His Met Tyr
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
            660                 665                 670
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
        675                 680                 685
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
    690                 695                 700
Lys Gly Ala Trp Leu Asn Asp Leu Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
705                 710                 715                 720
Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
                725                 730                 735
Asp
```

<210> 86
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> SEQ ID NO: 86

<400> 86

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

```
            180                 185                 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
        195                 200                 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
    210                 215                 220
Asn Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ala
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Ile Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Pro Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Gln Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Val Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp
545                 550                 555                 560
Gln Val Leu Thr Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
                565                 570                 575
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asp Cys Leu
            580                 585                 590
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
        595                 600                 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
```

```
    610                 615                 620
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625                 630                 635                 640
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Ala Gln Val Ala Arg His Met Tyr
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
            660                 665                 670
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
        675                 680                 685
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
    690                 695                 700
Lys Gly Ala Trp Leu Asn Asp Leu Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
705                 710                 715                 720
Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
                725                 730                 735
Asp
```

<210> 87
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> SEQ ID NO: 87

<400> 87

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

```
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
    210                 215                 220
Asn Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ala
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Val Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Gln Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Val Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp
545                 550                 555                 560
Gln Val Leu Thr Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
                565                 570                 575
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asp Cys Leu
            580                 585                 590
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
        595                 600                 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
    610                 615                 620
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625                 630                 635                 640
```

```
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Ala Gln Val Ala Arg His Met Tyr
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
            660                 665                 670
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
        675                 680                 685
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
    690                 695                 700
Lys Gly Ala Trp Leu Asn Asp Leu Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
705                 710                 715                 720
Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
                725                 730                 735
Asp
```

<210> 88
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> SEQ ID NO: 88

<400> 88

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

```
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ala
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Pro Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Ala Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Val Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp
545                 550                 555                 560
Gln Val Leu Thr Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
                565                 570                 575
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asp Cys Leu
            580                 585                 590
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
        595                 600                 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
    610                 615                 620
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625                 630                 635                 640
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Ala Gln Val Ala Arg His Met Tyr
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
```

```
            660                 665                 670
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
        675                 680                 685
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
    690                 695                 700
Lys Gly Ala Trp Leu Asn Asp Leu Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
705                 710                 715                 720
Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
                725                 730                 735
Asp
```

<210> 89
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> SEQ ID NO: 89

<400> 89

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

```
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ala
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Pro Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Gln Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Val Asp Asp Pro Asp Ala Thr Ile Ile Tyr Asp
545                 550                 555                 560
Gln Val Leu Thr Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
                565                 570                 575
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asp Cys Leu
            580                 585                 590
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
        595                 600                 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
    610                 615                 620
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625                 630                 635                 640
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Ala Gln Val Ala Arg His Met Tyr
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
            660                 665                 670
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
        675                 680                 685
```

```
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
    690                 695                 700
Lys Gly Ala Trp Leu Asn Asp Leu Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
705                 710                 715                 720
Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
                725                 730                 735
Asp
```

<210> 90
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> SEQ ID NO: 90

<400> 90

```
Met Ser Pro Pro His Gly Phe Ser Ser Val Pro Ser Thr Ala Ala Arg
1               5                   10                  15
Arg Arg Leu Ser Ser Lys Ala Ser Leu Thr Asn Arg Pro Thr Phe Thr
            20                  25                  30
Lys Ile Thr Thr Gln Thr Tyr Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly
        35                  40                  45
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
    50                  55                  60
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65                  70                  75                  80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
                85                  90                  95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
            100                 105                 110
Phe Leu Gly Ala Gly Ile Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
        115                 120                 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
    130                 135                 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145                 150                 155                 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
                165                 170                 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
            180                 185                 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
        195                 200                 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
    210                 215                 220
Asn Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
```

```
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ala
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Pro Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Gln Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Val Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp
545                 550                 555                 560
Gln Val Leu Glu Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
                565                 570                 575
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asp Cys Leu
            580                 585                 590
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
        595                 600                 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
    610                 615                 620
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625                 630                 635                 640
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Ala Gln Val Ala Arg His Met Tyr
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
            660                 665                 670
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
        675                 680                 685
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
    690                 695                 700
Lys Gly Ala Trp Leu Asn Asp Leu Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
```

705 710 715 720
Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
725 730 735
Asp

<210> 91
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> SEQ ID NO: 91

<400> 91
Met Ser Pro Pro His Gly Phe Ser Ser Val Pro Ser Thr Ala Ala Arg
1 5 10 15
Arg Arg Leu Ser Ser Lys Ala Ser Leu Thr Asn Arg Pro Thr Phe Thr
20 25 30
Lys Ile Thr Thr Gln Thr Tyr Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly
35 40 45
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
50 55 60
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65 70 75 80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
85 90 95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
100 105 110
Phe Leu Gly Ala Gly Ile Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
115 120 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
130 135 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145 150 155 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
165 170 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
180 185 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
195 200 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
210 215 220
Asn Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225 230 235 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
245 250 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
260 265 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
275 280 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ala
290 295 300

```
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Pro Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Gln Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Val Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp
545                 550                 555                 560
Gln Val Leu Thr Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
                565                 570                 575
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asn Cys Leu
            580                 585                 590
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
        595                 600                 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
    610                 615                 620
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625                 630                 635                 640
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Ala Gln Val Ala Arg His Met Tyr
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
            660                 665                 670
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
        675                 680                 685
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
    690                 695                 700
Lys Gly Ala Trp Leu Asn Asp Leu Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
705                 710                 715                 720
Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
                725                 730                 735
```

Asp

<210> 92
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> SEQ ID NO: 92

<400> 92
Met Ser Pro Pro His Gly Phe Ser Ser Val Pro Ser Thr Ala Ala Arg
1 5 10 15
Arg Arg Leu Ser Ser Lys Ala Ser Leu Thr Asn Arg Pro Thr Phe Thr
20 25 30
Lys Ile Thr Thr Gln Thr Tyr Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly
35 40 45
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
50 55 60
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65 70 75 80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
85 90 95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
100 105 110
Phe Leu Gly Ala Gly Ile Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
115 120 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
130 135 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145 150 155 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
165 170 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
180 185 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
195 200 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
210 215 220
Ile Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225 230 235 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
245 250 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
260 265 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
275 280 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ala
290 295 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305 310 315 320
Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser

```
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Pro Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Gln Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Val Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp
545                 550                 555                 560
Gln Val Leu Thr Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
                565                 570                 575
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asp Cys Leu
            580                 585                 590
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
        595                 600                 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
    610                 615                 620
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625                 630                 635                 640
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Ala Gln Val Ala Arg His Met Tyr
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
            660                 665                 670
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
        675                 680                 685
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
    690                 695                 700
Lys Gly Ala Trp Leu Asn Asp Leu Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
705                 710                 715                 720
Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
                725                 730                 735
Asp
```

<210> 93
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> SEQ ID NO: 93

<400> 93

```
Met Ser Pro Pro His Gly Phe Ser Ser Val Pro Ser Thr Ala Ala Arg
1               5                  10                  15
Arg Arg Leu Ser Ser Lys Ala Ser Leu Thr Asn Arg Pro Thr Phe Thr
            20                  25                  30
Lys Ile Thr Thr Gln Thr Tyr Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly
        35                  40                  45
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
    50                  55                  60
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65                  70                  75                  80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
                85                  90                  95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
            100                 105                 110
Phe Leu Gly Ala Gly Ile Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
        115                 120                 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
    130                 135                 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145                 150                 155                 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
                165                 170                 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
            180                 185                 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
        195                 200                 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
    210                 215                 220
Leu Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ala
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
```

```
Ile Thr Lys Asn Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Pro Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Gln Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Val Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp
545                 550                 555                 560
Gln Val Leu Thr Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
                565                 570                 575
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asp Cys Leu
            580                 585                 590
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
        595                 600                 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
    610                 615                 620
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625                 630                 635                 640
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Ala Gln Val Ala Arg His Met Tyr
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
            660                 665                 670
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
        675                 680                 685
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
    690                 695                 700
Lys Gly Ala Trp Leu Asn Asp Leu Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
705                 710                 715                 720
Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
                725                 730                 735
Asp
```

<210> 94
<211> 737
<212> PRT

<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> SEQ ID NO: 94

<400> 94

```
Met Ser Pro Pro His Gly Phe Ser Ser Val Pro Ser Thr Ala Ala Arg
1               5                  10                  15
Arg Arg Leu Ser Ser Lys Ala Ser Leu Thr Asn Arg Pro Thr Phe Thr
            20                  25                  30
Lys Ile Thr Thr Gln Thr Tyr Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly
        35                  40                  45
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
    50                  55                  60
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65                  70                  75                  80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
                85                  90                  95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
            100                 105                 110
Phe Leu Gly Ala Gly Ile Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
        115                 120                 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
    130                 135                 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145                 150                 155                 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
                165                 170                 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
            180                 185                 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
        195                 200                 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
    210                 215                 220
Met Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ala
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Pro Gly
```

```
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Gln Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Val Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp
545                 550                 555                 560
Gln Val Leu Thr Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
                565                 570                 575
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asp Cys Leu
            580                 585                 590
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
        595                 600                 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
    610                 615                 620
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625                 630                 635                 640
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Ala Gln Val Ala Arg His Met Tyr
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
            660                 665                 670
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
        675                 680                 685
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
    690                 695                 700
Lys Gly Ala Trp Leu Asn Asp Leu Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
705                 710                 715                 720
Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
                725                 730                 735
Asp
```

<210> 95
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> SEQ ID NO: 95

<400> 95

```
Met Ser Pro Pro His Gly Phe Ser Ser Val Pro Ser Thr Ala Ala Arg
1               5                  10                  15
Arg Arg Leu Ser Ser Lys Ala Ser Leu Thr Asn Arg Pro Thr Phe Thr
            20                  25                  30
Lys Ile Thr Thr Gln Thr Tyr Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly
        35                  40                  45
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
    50                  55                  60
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65                  70                  75                  80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
                85                  90                  95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
            100                 105                 110
Phe Leu Gly Ala Gly Ile Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
        115                 120                 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
    130                 135                 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145                 150                 155                 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
                165                 170                 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
            180                 185                 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
        195                 200                 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
    210                 215                 220
Asn Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Leu
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Pro Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
```

```
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Gln Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Val Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp
545                 550                 555                 560
Gln Val Leu Thr Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
                565                 570                 575
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asp Cys Leu
            580                 585                 590
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
        595                 600                 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
    610                 615                 620
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625                 630                 635                 640
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Ala Gln Val Ala Arg His Met Tyr
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
            660                 665                 670
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
        675                 680                 685
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
    690                 695                 700
Lys Gly Ala Trp Leu Asn Asp Leu Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
705                 710                 715                 720
Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
                725                 730                 735
Asp
```

<210> 96
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> SEQ ID NO: 96

<400> 96

```
Met Ser Pro Pro His Gly Phe Ser Ser Val Pro Ser Thr Ala Ala Arg
1               5                  10                  15
Arg Arg Leu Ser Ser Lys Ala Ser Leu Thr Asn Arg Pro Thr Phe Thr
            20                  25                  30
Lys Ile Thr Thr Gln Thr Tyr Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly
        35                  40                  45
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
    50                  55                  60
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65                  70                  75                  80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
                85                  90                  95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
            100                 105                 110
Phe Leu Gly Ala Gly Ile Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
        115                 120                 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
    130                 135                 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145                 150                 155                 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
                165                 170                 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
            180                 185                 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
        195                 200                 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
    210                 215                 220
Asn Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ala
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Val Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Pro Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
```

```
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Gln Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Val Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp
545                 550                 555                 560
Gln Val Leu Thr Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
                565                 570                 575
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asp Cys Leu
            580                 585                 590
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
        595                 600                 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
    610                 615                 620
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625                 630                 635                 640
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Ala Gln Val Ala Arg His Met Tyr
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
            660                 665                 670
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
        675                 680                 685
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
    690                 695                 700
Lys Gly Ala Trp Leu Asn Asp Leu Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
705                 710                 715                 720
Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
                725                 730                 735
Asp
```

<210> 97
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> SEQ ID NO: 97

<400> 97

```
Met Ser Pro Pro His Gly Phe Ser Ser Val Pro Ser Thr Ala Ala Arg
1               5                   10                  15
```

```
Arg Arg Leu Ser Ser Lys Ala Ser Leu Thr Asn Arg Pro Thr Phe Thr
            20                  25                  30
Lys Ile Thr Thr Gln Thr Tyr Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly
        35                  40                  45
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
    50                  55                  60
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65                  70                  75                  80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
                85                  90                  95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
            100                 105                 110
Phe Leu Gly Ala Gly Ile Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
        115                 120                 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
    130                 135                 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145                 150                 155                 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
                165                 170                 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
            180                 185                 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
        195                 200                 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
    210                 215                 220
Asn Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ala
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Ala Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
```

```
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Gln Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Val Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp
545                 550                 555                 560
Gln Val Leu Thr Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
                565                 570                 575
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asp Cys Leu
            580                 585                 590
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
        595                 600                 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
    610                 615                 620
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625                 630                 635                 640
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Ala Gln Val Ala Arg His Met Tyr
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
            660                 665                 670
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
        675                 680                 685
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
    690                 695                 700
Lys Gly Ala Trp Leu Asn Asp Leu Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
705                 710                 715                 720
Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
                725                 730                 735
Asp
```

<210> 98
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> SEQ ID NO: 98

<400> 98

```
Met Ser Pro Pro His Gly Phe Ser Ser Val Pro Ser Thr Ala Ala Arg
1               5                   10                  15
Arg Arg Leu Ser Ser Lys Ala Ser Leu Thr Asn Arg Pro Thr Phe Thr
            20                  25                  30
Lys Ile Thr Thr Gln Thr Tyr Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly
```

```
        35                  40                  45
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
    50                  55                  60
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65                  70                  75                  80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
                85                  90                  95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
            100                 105                 110
Phe Leu Gly Ala Gly Ile Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
        115                 120                 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
    130                 135                 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145                 150                 155                 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
                165                 170                 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
            180                 185                 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
        195                 200                 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
    210                 215                 220
Asn Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ala
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Gly Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
```

```
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Gln Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Val Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp
545                 550                 555                 560
Gln Val Leu Thr Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
                565                 570                 575
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asp Cys Leu
            580                 585                 590
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
        595                 600                 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
    610                 615                 620
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625                 630                 635                 640
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Ala Gln Val Ala Arg His Met Tyr
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
            660                 665                 670
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
        675                 680                 685
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
    690                 695                 700
Lys Gly Ala Trp Leu Asn Asp Leu Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
705                 710                 715                 720
Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
                725                 730                 735
Asp
```

<210> 99
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> SEQ ID NO: 99

```
<400> 99
Met Ser Pro Pro His Gly Phe Ser Ser Val Pro Ser Thr Ala Ala Arg
1               5                   10                  15
Arg Arg Leu Ser Ser Lys Ala Ser Leu Thr Asn Arg Pro Thr Phe Thr
            20                  25                  30
Lys Ile Thr Thr Gln Thr Tyr Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly
        35                  40                  45
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
    50                  55                  60
```

```
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65                  70                  75                  80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
                85                  90                  95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
            100                 105                 110
Phe Leu Gly Ala Gly Ile Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
        115                 120                 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
    130                 135                 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145                 150                 155                 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
                165                 170                 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
            180                 185                 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
        195                 200                 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
    210                 215                 220
Asn Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ala
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Met Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Gln Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
```

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

<210> 100
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> SEQ ID NO: 100

<400> 100

```
Met Ser Pro Pro His Gly Phe Ser Ser Val Pro Ser Thr Ala Ala Arg
1               5                   10                  15
Arg Arg Leu Ser Ser Lys Ala Ser Leu Thr Asn Arg Pro Thr Phe Thr
            20                  25                  30
Lys Ile Thr Thr Gln Thr Tyr Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly
        35                  40                  45
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
    50                  55                  60
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65                  70                  75                  80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
```

```
                85                  90                  95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
            100                 105                 110
Phe Leu Gly Ala Gly Ile Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
        115                 120                 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
    130                 135                 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145                 150                 155                 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
                165                 170                 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
            180                 185                 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
        195                 200                 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
    210                 215                 220
Asn Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ala
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Asn Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Gln Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
```

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

<210> 101
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> SEQ ID NO: 101

<400> 101

```
Met Ser Pro Pro His Gly Phe Ser Ser Val Pro Ser Thr Ala Ala Arg
1               5                  10                  15
Arg Arg Leu Ser Ser Lys Ala Ser Leu Thr Asn Arg Pro Thr Phe Thr
            20                  25                  30
Lys Ile Thr Thr Gln Thr Tyr Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly
        35                  40                  45
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
    50                  55                  60
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65                  70                  75                  80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
                85                  90                  95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
            100                 105                 110
```

```
Phe Leu Gly Ala Gly Ile Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
        115                 120                 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
    130                 135                 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145                 150                 155                 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
                165                 170                 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
            180                 185                 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
        195                 200                 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
    210                 215                 220
Asn Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ala
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Cys Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Gln Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
```

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

<210> 102
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> SEQ ID NO: 102

<400> 102

```
Met Ser Pro Pro His Gly Phe Ser Ser Val Pro Ser Thr Ala Ala Arg
1               5                   10                  15
Arg Arg Leu Ser Ser Lys Ala Ser Leu Thr Asn Arg Pro Thr Phe Thr
            20                  25                  30
Lys Ile Thr Thr Gln Thr Tyr Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly
        35                  40                  45
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
    50                  55                  60
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65                  70                  75                  80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
                85                  90                  95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
            100                 105                 110
Phe Leu Gly Ala Gly Ile Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
        115                 120                 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
```

```
    130                 135                 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145                 150                 155                 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
                165                 170                 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
            180                 185                 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
        195                 200                 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
    210                 215                 220
Asn Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ala
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Gln Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Gln Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Val Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp
545                 550                 555                 560
Gln Val Leu Thr Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
```

```
                565                 570                 575
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asp Cys Leu
            580                 585                 590
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
        595                 600                 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
    610                 615                 620
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625                 630                 635                 640
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Ala Gln Val Ala Arg His Met Tyr
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
            660                 665                 670
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
        675                 680                 685
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
    690                 695                 700
Lys Gly Ala Trp Leu Asn Asp Leu Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
705                 710                 715                 720
Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
                725                 730                 735
Asp
```

<210> 103
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> SEQ ID NO: 103

<400> 103

```
Met Ser Pro Pro His Gly Phe Ser Ser Val Pro Ser Thr Ala Ala Arg
1               5                   10                  15
Arg Arg Leu Ser Ser Lys Ala Ser Leu Thr Asn Arg Pro Thr Phe Thr
            20                  25                  30
Lys Ile Thr Thr Gln Thr Tyr Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly
        35                  40                  45
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
    50                  55                  60
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65                  70                  75                  80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
                85                  90                  95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
            100                 105                 110
Phe Leu Gly Ala Gly Ile Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
        115                 120                 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
    130                 135                 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145                 150                 155                 160
```

```
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
                165                 170                 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
            180                 185                 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
        195                 200                 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
    210                 215                 220
Asn Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ala
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Ser Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Gln Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Val Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp
545                 550                 555                 560
Gln Val Leu Thr Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
                565                 570                 575
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asp Cys Leu
            580                 585                 590
```

```
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
        595                 600                 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
    610                 615                 620
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625                 630                 635                 640
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Ala Gln Val Ala Arg His Met Tyr
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
            660                 665                 670
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
        675                 680                 685
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
    690                 695                 700
Lys Gly Ala Trp Leu Asn Asp Leu Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
705                 710                 715                 720
Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
                725                 730                 735
Asp
```

<210> 104
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> SEQ ID NO: 104

<400> 104

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

```
            180                 185                 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
        195                 200                 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
    210                 215                 220
Asn Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ala
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Thr Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Gln Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Val Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp
545                 550                 555                 560
Gln Val Leu Thr Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
                565                 570                 575
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asp Cys Leu
            580                 585                 590
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
        595                 600                 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
```

```
    610                 615                 620
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625                 630                 635                 640
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Ala Gln Val Ala Arg His Met Tyr
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
            660                 665                 670
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
        675                 680                 685
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
    690                 695                 700
Lys Gly Ala Trp Leu Asn Asp Leu Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
705                 710                 715                 720
Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
                725                 730                 735
Asp
```

<210> 105
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> SEQ ID NO: 105

<400> 105

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

```
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
    210                 215                 220
Asn Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ala
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Pro Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Gly Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Val Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp
545                 550                 555                 560
Gln Val Leu Thr Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
                565                 570                 575
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asp Cys Leu
            580                 585                 590
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
        595                 600                 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
    610                 615                 620
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625                 630                 635                 640
```

```
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Ala Gln Val Ala Arg His Met Tyr
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
            660                 665                 670
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
        675                 680                 685
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
    690                 695                 700
Lys Gly Ala Trp Leu Asn Asp Leu Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
705                 710                 715                 720
Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
                725                 730                 735
Asp
```

<210> 106
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> SEQ ID NO: 106

<400> 106

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

```
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ala
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Pro Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Leu Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Val Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp
545                 550                 555                 560
Gln Val Leu Thr Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
                565                 570                 575
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asp Cys Leu
            580                 585                 590
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
        595                 600                 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
    610                 615                 620
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625                 630                 635                 640
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Ala Gln Val Ala Arg His Met Tyr
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
```

```
            660                 665                 670
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
        675                 680                 685
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
    690                 695                 700
Lys Gly Ala Trp Leu Asn Asp Leu Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
705                 710                 715                 720
Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
                725                 730                 735
Asp
```

<210> 107
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> SEQ ID NO: 107

```
<400> 107
Met Ser Pro Pro His Gly Phe Ser Ser Val Pro Ser Thr Ala Ala Arg
1               5                   10                  15
Arg Arg Leu Ser Ser Lys Ala Ser Leu Thr Asn Arg Pro Thr Phe Thr
            20                  25                  30
Lys Ile Thr Thr Gln Thr Tyr Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly
        35                  40                  45
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
    50                  55                  60
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65                  70                  75                  80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
                85                  90                  95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
            100                 105                 110
Phe Leu Gly Ala Gly Ile Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
        115                 120                 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
    130                 135                 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145                 150                 155                 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
                165                 170                 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
            180                 185                 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
        195                 200                 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
    210                 215                 220
Asn Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
```

```
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ala
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Pro Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Met Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Val Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp
545                 550                 555                 560
Gln Val Leu Thr Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
                565                 570                 575
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asp Cys Leu
            580                 585                 590
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
        595                 600                 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
    610                 615                 620
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625                 630                 635                 640
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Ala Gln Val Ala Arg His Met Tyr
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
            660                 665                 670
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
        675                 680                 685
```

```
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
    690                 695                 700
Lys Gly Ala Trp Leu Asn Asp Leu Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
705                 710                 715                 720
Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
                725                 730                 735
Asp
```

<210> 108
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> SEQ ID NO: 108

<400> 108

```
Met Ser Pro Pro His Gly Phe Ser Ser Val Pro Ser Thr Ala Ala Arg
1               5                   10                  15
Arg Arg Leu Ser Ser Lys Ala Ser Leu Thr Asn Arg Pro Thr Phe Thr
            20                  25                  30
Lys Ile Thr Thr Gln Thr Tyr Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly
        35                  40                  45
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
    50                  55                  60
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65                  70                  75                  80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
                85                  90                  95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
            100                 105                 110
Phe Leu Gly Ala Gly Ile Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
        115                 120                 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
    130                 135                 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145                 150                 155                 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
                165                 170                 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
            180                 185                 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
        195                 200                 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
    210                 215                 220
Asn Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
```

```
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ala
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Pro Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Gln Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Pro Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp
545                 550                 555                 560
Gln Val Leu Thr Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
                565                 570                 575
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asp Cys Leu
            580                 585                 590
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
        595                 600                 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
    610                 615                 620
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625                 630                 635                 640
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Ala Gln Val Ala Arg His Met Tyr
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
            660                 665                 670
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
        675                 680                 685
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
    690                 695                 700
Lys Gly Ala Trp Leu Asn Asp Leu Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
```

705 710 715 720
Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
725 730 735
Asp

<210> 109
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> SEQ ID NO: 109

<400> 109
Met Ser Pro Pro His Gly Phe Ser Ser Val Pro Ser Thr Ala Ala Arg
1 5 10 15
Arg Arg Leu Ser Ser Lys Ala Ser Leu Thr Asn Arg Pro Thr Phe Thr
20 25 30
Lys Ile Thr Thr Gln Thr Tyr Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly
35 40 45
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
50 55 60
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65 70 75 80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
85 90 95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
100 105 110
Phe Leu Gly Ala Gly Ile Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
115 120 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
130 135 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145 150 155 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
165 170 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
180 185 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
195 200 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
210 215 220
Asn Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225 230 235 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
245 250 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
260 265 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
275 280 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ala
290 295 300

```
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Pro Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Gln Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Val Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp
545                 550                 555                 560
Gln Val Leu Thr Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
                565                 570                 575
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Gly Cys Leu
            580                 585                 590
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
        595                 600                 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
    610                 615                 620
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625                 630                 635                 640
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Ala Gln Val Ala Arg His Met Tyr
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
            660                 665                 670
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
        675                 680                 685
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
    690                 695                 700
Lys Gly Ala Trp Leu Asn Asp Leu Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
705                 710                 715                 720
Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
                725                 730                 735
```

Asp

<210> 110
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> SEQ ID NO: 110

<400> 110

```
Met Ser Pro Pro His Gly Phe Ser Ser Val Pro Ser Thr Ala Ala Arg
1               5                  10                  15
Arg Arg Leu Ser Ser Lys Ala Ser Leu Thr Asn Arg Pro Thr Phe Thr
            20                  25                  30
Lys Ile Thr Thr Gln Thr Tyr Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly
        35                  40                  45
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
    50                  55                  60
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65                  70                  75                  80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
                85                  90                  95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
            100                 105                 110
Phe Leu Gly Ala Gly Val Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
        115                 120                 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
    130                 135                 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145                 150                 155                 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
                165                 170                 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
            180                 185                 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
        195                 200                 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
    210                 215                 220
Asn Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ala
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
```

```
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Val Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Gln Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Val Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp
545                 550                 555                 560
Gln Val Leu Thr Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
                565                 570                 575
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asp Cys Leu
            580                 585                 590
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
        595                 600                 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
    610                 615                 620
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625                 630                 635                 640
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Ala Gln Val Ala Arg His Met Tyr
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
            660                 665                 670
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
        675                 680                 685
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
    690                 695                 700
Lys Gly Ala Trp Leu Asn Asp Leu Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
705                 710                 715                 720
Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
                725                 730                 735
Asp
```

<210> 111
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> SEQ ID NO: 111

<400> 111

```
Met Ser Pro Pro His Gly Phe Ser Ser Val Pro Ser Thr Ala Ala Arg
1               5                  10                  15
Arg Arg Leu Ser Ser Lys Ala Ser Leu Thr Asn Arg Pro Thr Phe Thr
            20                  25                  30
Lys Ile Thr Thr Gln Thr Tyr Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly
        35                  40                  45
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
    50                  55                  60
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65                  70                  75                  80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
                85                  90                  95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
            100                 105                 110
Phe Leu Gly Ala Gly Val Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
        115                 120                 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
    130                 135                 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145                 150                 155                 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
                165                 170                 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
            180                 185                 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
        195                 200                 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
    210                 215                 220
Asn Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ala
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
```

```
Ile Thr Lys Asn Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Pro Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Gln Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Val Asp Asp Pro Asp Ala Thr Ile Ile Tyr Asp
545                 550                 555                 560
Gln Val Leu Thr Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
                565                 570                 575
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asp Cys Leu
            580                 585                 590
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
        595                 600                 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
    610                 615                 620
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625                 630                 635                 640
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Ala Gln Val Ala Arg His Met Tyr
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
            660                 665                 670
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
        675                 680                 685
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
    690                 695                 700
Lys Gly Ala Trp Leu Asn Asp Leu Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
705                 710                 715                 720
Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
                725                 730                 735
Asp
```

<210> 112
<211> 737
<212> PRT

<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> SEQ ID NO: 112

<400> 112

```
Met Ser Pro Pro His Gly Phe Ser Ser Val Pro Ser Thr Ala Ala Arg
1               5                  10                  15
Arg Arg Leu Ser Ser Lys Ala Ser Leu Thr Asn Arg Pro Thr Phe Thr
            20                  25                  30
Lys Ile Thr Thr Gln Thr Tyr Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly
        35                  40                  45
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
    50                  55                  60
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65                  70                  75                  80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
                85                  90                  95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
            100                 105                 110
Phe Leu Gly Ala Gly Val Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
        115                 120                 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
    130                 135                 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145                 150                 155                 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
                165                 170                 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
            180                 185                 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
        195                 200                 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
    210                 215                 220
Asn Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ala
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Pro Gly
```

```
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Gln Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Val Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp
545                 550                 555                 560
Gln Val Leu Glu Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
                565                 570                 575
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asp Cys Leu
            580                 585                 590
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
        595                 600                 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
    610                 615                 620
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625                 630                 635                 640
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Ala Gln Val Ala Arg His Met Tyr
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
            660                 665                 670
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
        675                 680                 685
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
    690                 695                 700
Lys Gly Ala Trp Leu Asn Asp Leu Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
705                 710                 715                 720
Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
                725                 730                 735
Asp
```

<210> 113
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> SEQ ID NO: 113

<400> 113

```
Met Ser Pro Pro His Gly Phe Ser Ser Val Pro Ser Thr Ala Ala Arg
1               5                  10                  15
Arg Arg Leu Ser Ser Lys Ala Ser Leu Thr Asn Arg Pro Thr Phe Thr
            20                  25                  30
Lys Ile Thr Thr Gln Thr Tyr Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly
        35                  40                  45
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
    50                  55                  60
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65                  70                  75                  80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
                85                  90                  95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
            100                 105                 110
Phe Leu Gly Ala Gly Val Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
        115                 120                 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
    130                 135                 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145                 150                 155                 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
                165                 170                 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
            180                 185                 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
        195                 200                 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
    210                 215                 220
Asn Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ala
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Pro Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
```

```
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Gln Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Val Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp
545                 550                 555                 560
Gln Val Leu Thr Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
                565                 570                 575
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asn Cys Leu
            580                 585                 590
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
        595                 600                 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
    610                 615                 620
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625                 630                 635                 640
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Ala Gln Val Ala Arg His Met Tyr
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
            660                 665                 670
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
        675                 680                 685
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
    690                 695                 700
Lys Gly Ala Trp Leu Asn Asp Leu Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
705                 710                 715                 720
Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
                725                 730                 735
Asp
```

<210> 114
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> SEQ ID NO: 114

<400> 114

```
Met Ser Pro Pro His Gly Phe Ser Ser Val Pro Ser Thr Ala Ala Arg
1               5                  10                  15
Arg Arg Leu Ser Ser Lys Ala Ser Leu Thr Asn Arg Pro Thr Phe Thr
            20                  25                  30
Lys Ile Thr Thr Gln Thr Tyr Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly
        35                  40                  45
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
    50                  55                  60
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65                  70                  75                  80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
                85                  90                  95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
            100                 105                 110
Phe Leu Gly Ala Gly Ile Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
        115                 120                 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
    130                 135                 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145                 150                 155                 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
                165                 170                 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
            180                 185                 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
        195                 200                 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
    210                 215                 220
Val Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ile
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Pro Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
```

```
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Gln Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Val Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp
545                 550                 555                 560
Gln Val Leu Thr Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
                565                 570                 575
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asp Cys Leu
            580                 585                 590
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
        595                 600                 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
    610                 615                 620
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625                 630                 635                 640
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Ala Gln Val Ala Arg His Met Tyr
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
            660                 665                 670
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
        675                 680                 685
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
    690                 695                 700
Lys Gly Ala Trp Leu Asn Asp Leu Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
705                 710                 715                 720
Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
                725                 730                 735
Asp
```

<210> 115
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> SEQ ID NO: 115

<400> 115

```
Met Ser Pro Pro His Gly Phe Ser Ser Val Pro Ser Thr Ala Ala Arg
1               5                   10                  15
```

```
Arg Arg Leu Ser Ser Lys Ala Ser Leu Thr Asn Arg Pro Thr Phe Thr
            20                  25                  30
Lys Ile Thr Thr Gln Thr Tyr Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly
        35                  40                  45
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
    50                  55                  60
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65                  70                  75                  80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
                85                  90                  95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
            100                 105                 110
Phe Leu Gly Ala Gly Ile Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
        115                 120                 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
    130                 135                 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145                 150                 155                 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
                165                 170                 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
            180                 185                 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
        195                 200                 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
    210                 215                 220
Val Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ala
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Val Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
```

```
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Gln Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Val Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp
545                 550                 555                 560
Gln Val Leu Thr Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
                565                 570                 575
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asp Cys Leu
            580                 585                 590
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
        595                 600                 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
    610                 615                 620
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625                 630                 635                 640
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Ala Gln Val Ala Arg His Met Tyr
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
            660                 665                 670
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
        675                 680                 685
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
    690                 695                 700
Lys Gly Ala Trp Leu Asn Asp Leu Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
705                 710                 715                 720
Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
                725                 730                 735
Asp
```

<210> 116
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> SEQ ID NO: 116

<400> 116

```
Met Ser Pro Pro His Gly Phe Ser Ser Val Pro Ser Thr Ala Ala Arg
1               5                   10                  15
Arg Arg Leu Ser Ser Lys Ala Ser Leu Thr Asn Arg Pro Thr Phe Thr
            20                  25                  30
Lys Ile Thr Thr Gln Thr Tyr Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly
```

```
        35                  40                  45
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
    50                  55                  60
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65                  70                  75                  80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
                85                  90                  95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
            100                 105                 110
Phe Leu Gly Ala Gly Ile Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
        115                 120                 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
    130                 135                 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145                 150                 155                 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
                165                 170                 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
            180                 185                 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
        195                 200                 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
    210                 215                 220
Val Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ala
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Pro Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
```

```
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Ala Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Val Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp
545                 550                 555                 560
Gln Val Leu Thr Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
                565                 570                 575
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asp Cys Leu
            580                 585                 590
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
        595                 600                 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
    610                 615                 620
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625                 630                 635                 640
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Ala Gln Val Ala Arg His Met Tyr
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
            660                 665                 670
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
        675                 680                 685
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
    690                 695                 700
Lys Gly Ala Trp Leu Asn Asp Leu Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
705                 710                 715                 720
Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
                725                 730                 735
Asp
```

<210> 117
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> SEQ ID NO: 117

<400> 117

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

```
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65                  70                  75                  80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
                85                  90                  95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
            100                 105                 110
Phe Leu Gly Ala Gly Ile Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
        115                 120                 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
    130                 135                 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145                 150                 155                 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
                165                 170                 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
            180                 185                 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
        195                 200                 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
    210                 215                 220
Val Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ala
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Pro Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Gln Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
```

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

<210> 118
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> SEQ ID NO: 118

<400> 118

```
Met Ser Pro Pro His Gly Phe Ser Ser Val Pro Ser Thr Ala Ala Arg
1               5                   10                  15
Arg Arg Leu Ser Ser Lys Ala Ser Leu Thr Asn Arg Pro Thr Phe Thr
            20                  25                  30
Lys Ile Thr Thr Gln Thr Tyr Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly
        35                  40                  45
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
    50                  55                  60
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65                  70                  75                  80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
```

```
                85                  90                  95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
            100                 105                 110
Phe Leu Gly Ala Gly Ile Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
        115                 120                 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
    130                 135                 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145                 150                 155                 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
                165                 170                 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
            180                 185                 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
        195                 200                 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
    210                 215                 220
Val Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ala
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Pro Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Gln Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
```

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

<210> 119
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> SEQ ID NO: 119

```
<400> 119
Met Ser Pro Pro His Gly Phe Ser Ser Val Pro Ser Thr Ala Ala Arg
1               5                   10                  15
Arg Arg Leu Ser Ser Lys Ala Ser Leu Thr Asn Arg Pro Thr Phe Thr
            20                  25                  30
Lys Ile Thr Thr Gln Thr Tyr Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly
        35                  40                  45
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
    50                  55                  60
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65                  70                  75                  80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
                85                  90                  95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
            100                 105                 110
```

```
Phe Leu Gly Ala Gly Ile Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
        115                 120                 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
    130                 135                 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145                 150                 155                 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
                165                 170                 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
            180                 185                 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
        195                 200                 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
    210                 215                 220
Val Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ala
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Pro Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Gln Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
```

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

<210> 120
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> SEQ ID NO: 120

<400> 120

```
Met Ser Pro Pro His Gly Phe Ser Ser Val Pro Ser Thr Ala Ala Arg
1               5                  10                  15
Arg Arg Leu Ser Ser Lys Ala Ser Leu Thr Asn Arg Pro Thr Phe Thr
            20                  25                  30
Lys Ile Thr Thr Gln Thr Tyr Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly
        35                  40                  45
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
    50                  55                  60
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65                  70                  75                  80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
                85                  90                  95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
            100                 105                 110
Phe Leu Gly Ala Gly Ile Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
        115                 120                 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
```

```
    130                 135                 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145                 150                 155                 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
                165                 170                 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
            180                 185                 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
        195                 200                 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
    210                 215                 220
Asn Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ile
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Ile Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Pro Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Gln Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Val Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp
545                 550                 555                 560
Gln Val Leu Thr Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
```

```
                565                 570                 575
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asp Cys Leu
            580                 585                 590
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
        595                 600                 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
    610                 615                 620
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625                 630                 635                 640
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Ala Gln Val Ala Arg His Met Tyr
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
            660                 665                 670
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
        675                 680                 685
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
    690                 695                 700
Lys Gly Ala Trp Leu Asn Asp Leu Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
705                 710                 715                 720
Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
                725                 730                 735
Asp
```

<210> 121
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> SEQ ID NO: 121

<400> 121

```
Met Ser Pro Pro His Gly Phe Ser Ser Val Pro Ser Thr Ala Ala Arg
1               5                   10                  15
Arg Arg Leu Ser Ser Lys Ala Ser Leu Thr Asn Arg Pro Thr Phe Thr
            20                  25                  30
Lys Ile Thr Thr Gln Thr Tyr Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly
        35                  40                  45
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
    50                  55                  60
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65                  70                  75                  80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
                85                  90                  95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
            100                 105                 110
Phe Leu Gly Ala Gly Ile Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
        115                 120                 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
    130                 135                 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145                 150                 155                 160
```

```
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
                165                 170                 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
            180                 185                 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
        195                 200                 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
    210                 215                 220
Asn Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ile
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Val Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Gln Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Val Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp
545                 550                 555                 560
Gln Val Leu Thr Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
                565                 570                 575
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asp Cys Leu
            580                 585                 590
```

```
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
        595                 600                 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
    610                 615                 620
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625                 630                 635                 640
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Ala Gln Val Ala Arg His Met Tyr
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
            660                 665                 670
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
        675                 680                 685
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
    690                 695                 700
Lys Gly Ala Trp Leu Asn Asp Leu Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
705                 710                 715                 720
Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
                725                 730                 735
Asp
```

<210> 122
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> SEQ ID NO: 122

<400> 122

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

```
            180                 185                 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
        195                 200                 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
    210                 215                 220
Asn Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ile
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Pro Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Ala Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Val Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp
545                 550                 555                 560
Gln Val Leu Thr Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
                565                 570                 575
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asp Cys Leu
            580                 585                 590
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
        595                 600                 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
```

```
    610                 615                 620
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625                 630                 635                 640
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Ala Gln Val Ala Arg His Met Tyr
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
            660                 665                 670
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
        675                 680                 685
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
    690                 695                 700
Lys Gly Ala Trp Leu Asn Asp Leu Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
705                 710                 715                 720
Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
                725                 730                 735
Asp
```

<210> 123
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> SEQ ID NO: 123

<400> 123

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

```
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
    210                 215                 220
Asn Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ile
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Pro Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Gln Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Val Asp Asp Pro Asp Ala Thr Ile Ile Tyr Asp
545                 550                 555                 560
Gln Val Leu Thr Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
                565                 570                 575
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asp Cys Leu
            580                 585                 590
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
        595                 600                 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
    610                 615                 620
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625                 630                 635                 640
```

```
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Ala Gln Val Ala Arg His Met Tyr
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
            660                 665                 670
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
        675                 680                 685
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
    690                 695                 700
Lys Gly Ala Trp Leu Asn Asp Leu Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
705                 710                 715                 720
Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
                725                 730                 735
Asp
```

<210> 124
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> SEQ ID NO: 124

<400> 124

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

```
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ile
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Pro Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Gln Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Val Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp
545                 550                 555                 560
Gln Val Leu Glu Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
                565                 570                 575
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asp Cys Leu
            580                 585                 590
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
        595                 600                 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
    610                 615                 620
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625                 630                 635                 640
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Ala Gln Val Ala Arg His Met Tyr
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
```

```
            660                 665                 670
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
        675                 680                 685
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
    690                 695                 700
Lys Gly Ala Trp Leu Asn Asp Leu Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
705                 710                 715                 720
Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
                725                 730                 735
Asp
```

<210> 125
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> SEQ ID NO: 125

```
<400> 125
Met Ser Pro Pro His Gly Phe Ser Ser Val Pro Ser Thr Ala Ala Arg
1               5                  10                  15
Arg Arg Leu Ser Ser Lys Ala Ser Leu Thr Asn Arg Pro Thr Phe Thr
            20                  25                  30
Lys Ile Thr Thr Gln Thr Tyr Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly
        35                  40                  45
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
    50                  55                  60
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65                  70                  75                  80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
                85                  90                  95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
            100                 105                 110
Phe Leu Gly Ala Gly Ile Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
        115                 120                 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
    130                 135                 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145                 150                 155                 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
                165                 170                 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
            180                 185                 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
        195                 200                 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
    210                 215                 220
Asn Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
```

```
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ile
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Pro Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Gln Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Val Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp
545                 550                 555                 560
Gln Val Leu Thr Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
                565                 570                 575
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asn Cys Leu
            580                 585                 590
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
        595                 600                 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
    610                 615                 620
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625                 630                 635                 640
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Ala Gln Val Ala Arg His Met Tyr
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
            660                 665                 670
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
        675                 680                 685
```

```
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
    690                 695                 700
Lys Gly Ala Trp Leu Asn Asp Leu Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
705                 710                 715                 720
Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
                725                 730                 735
Asp
```

<210> 126
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> SEQ ID NO: 126

<400> 126

```
Met Ser Pro Pro His Gly Phe Ser Ser Val Pro Ser Thr Ala Ala Arg
1               5                  10                  15
Arg Arg Leu Ser Ser Lys Ala Ser Leu Thr Asn Arg Pro Thr Phe Thr
            20                  25                  30
Lys Ile Thr Thr Gln Thr Tyr Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly
        35                  40                  45
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
    50                  55                  60
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65                  70                  75                  80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
                85                  90                  95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
            100                 105                 110
Phe Leu Gly Ala Gly Ile Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
        115                 120                 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
    130                 135                 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145                 150                 155                 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
                165                 170                 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
            180                 185                 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
        195                 200                 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
    210                 215                 220
Asn Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
```

```
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ala
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Ile Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Ala Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Pro Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Gln Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Val Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp
545                 550                 555                 560
Gln Val Leu Thr Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
                565                 570                 575
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asp Cys Leu
            580                 585                 590
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
        595                 600                 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
    610                 615                 620
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625                 630                 635                 640
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Ala Gln Val Ala Arg His Met Tyr
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
            660                 665                 670
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
        675                 680                 685
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
    690                 695                 700
Lys Gly Ala Trp Leu Asn Asp Leu Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
```

705 710 715 720
Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
725 730 735
Asp

<210> 127
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> SEQ ID NO: 127

<400> 127
Met Ser Pro Pro His Gly Phe Ser Ser Val Pro Ser Thr Ala Ala Arg
1 5 10 15
Arg Arg Leu Ser Ser Lys Ala Ser Leu Thr Asn Arg Pro Thr Phe Thr
20 25 30
Lys Ile Thr Thr Gln Thr Tyr Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly
35 40 45
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
50 55 60
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65 70 75 80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
85 90 95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
100 105 110
Phe Leu Gly Ala Gly Ile Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
115 120 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
130 135 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145 150 155 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
165 170 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
180 185 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
195 200 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
210 215 220
Asn Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225 230 235 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
245 250 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
260 265 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
275 280 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ala
290 295 300

```
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Ile Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Pro Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Ala Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Val Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp
545                 550                 555                 560
Gln Val Leu Thr Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
                565                 570                 575
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asp Cys Leu
            580                 585                 590
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
        595                 600                 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
    610                 615                 620
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625                 630                 635                 640
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Ala Gln Val Ala Arg His Met Tyr
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
            660                 665                 670
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
        675                 680                 685
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
    690                 695                 700
Lys Gly Ala Trp Leu Asn Asp Leu Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
705                 710                 715                 720
Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
                725                 730                 735
```

Asp

<210> 128
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> SEQ ID NO: 128

<400> 128

```
Met Ser Pro Pro His Gly Phe Ser Ser Val Pro Ser Thr Ala Ala Arg
1               5                  10                  15
Arg Arg Leu Ser Ser Lys Ala Ser Leu Thr Asn Arg Pro Thr Phe Thr
            20                  25                  30
Lys Ile Thr Thr Gln Thr Tyr Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly
        35                  40                  45
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
    50                  55                  60
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65                  70                  75                  80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
                85                  90                  95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
            100                 105                 110
Phe Leu Gly Ala Gly Ile Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
        115                 120                 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
    130                 135                 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145                 150                 155                 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
                165                 170                 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
            180                 185                 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
        195                 200                 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
    210                 215                 220
Asn Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ala
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Ile Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
```

```
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Pro Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Gln Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Val Asp Asp Pro Asp Ala Thr Ile Ile Tyr Asp
545                 550                 555                 560
Gln Val Leu Thr Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
                565                 570                 575
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asp Cys Leu
            580                 585                 590
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
        595                 600                 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
    610                 615                 620
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625                 630                 635                 640
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Ala Gln Val Ala Arg His Met Tyr
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
            660                 665                 670
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
        675                 680                 685
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
    690                 695                 700
Lys Gly Ala Trp Leu Asn Asp Leu Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
705                 710                 715                 720
Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
                725                 730                 735
Asp
```

<210> 129
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> SEQ ID NO: 129

<400> 129
Met Ser Pro Pro His Gly Phe Ser Ser Val Pro Ser Thr Ala Ala Arg
1 5 10 15
Arg Arg Leu Ser Ser Lys Ala Ser Leu Thr Asn Arg Pro Thr Phe Thr
20 25 30
Lys Ile Thr Thr Gln Thr Tyr Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly
35 40 45
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
50 55 60
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65 70 75 80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
85 90 95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
100 105 110
Phe Leu Gly Ala Gly Ile Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
115 120 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
130 135 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145 150 155 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
165 170 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
180 185 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
195 200 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
210 215 220
Asn Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225 230 235 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
245 250 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
260 265 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
275 280 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ala
290 295 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305 310 315 320
Phe Arg Ile Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
325 330 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
340 345 350

```
Ile Thr Lys Asn Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Pro Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Gln Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Val Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp
545                 550                 555                 560
Gln Val Leu Glu Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
                565                 570                 575
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asp Cys Leu
            580                 585                 590
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
        595                 600                 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
    610                 615                 620
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625                 630                 635                 640
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Ala Gln Val Ala Arg His Met Tyr
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
            660                 665                 670
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
        675                 680                 685
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
    690                 695                 700
Lys Gly Ala Trp Leu Asn Asp Leu Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
705                 710                 715                 720
Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
                725                 730                 735
Asp
```

<210> 130
<211> 737
<212> PRT

<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> SEQ ID NO: 130

<400> 130

```
Met Ser Pro Pro His Gly Phe Ser Ser Val Pro Ser Thr Ala Ala Arg
1               5                  10                  15
Arg Arg Leu Ser Ser Lys Ala Ser Leu Thr Asn Arg Pro Thr Phe Thr
            20                  25                  30
Lys Ile Thr Thr Gln Thr Tyr Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly
        35                  40                  45
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
    50                  55                  60
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65                  70                  75                  80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
                85                  90                  95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
            100                 105                 110
Phe Leu Gly Ala Gly Ile Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
        115                 120                 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
    130                 135                 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145                 150                 155                 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
                165                 170                 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
            180                 185                 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
        195                 200                 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
    210                 215                 220
Asn Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ala
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Ile Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Pro Gly
```

```
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Gln Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Val Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp
545                 550                 555                 560
Gln Val Leu Thr Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
                565                 570                 575
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asn Cys Leu
            580                 585                 590
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
        595                 600                 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
    610                 615                 620
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625                 630                 635                 640
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Ala Gln Val Ala Arg His Met Tyr
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
            660                 665                 670
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
        675                 680                 685
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
    690                 695                 700
Lys Gly Ala Trp Leu Asn Asp Leu Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
705                 710                 715                 720
Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
                725                 730                 735
Asp
```

<210> 131
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> SEQ ID NO: 131

<400> 131

```
Met Ser Pro Pro His Gly Phe Ser Ser Val Pro Ser Thr Ala Ala Arg
1               5                  10                  15
Arg Arg Leu Ser Ser Lys Ala Ser Leu Thr Asn Arg Pro Thr Phe Thr
            20                  25                  30
Lys Ile Thr Thr Gln Thr Tyr Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly
        35                  40                  45
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
    50                  55                  60
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65                  70                  75                  80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
                85                  90                  95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
            100                 105                 110
Phe Leu Gly Ala Gly Ile Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
        115                 120                 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
    130                 135                 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145                 150                 155                 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
                165                 170                 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
            180                 185                 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
        195                 200                 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
    210                 215                 220
Asn Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ala
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Ile Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Pro Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
```

```
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Gln Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Val Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp
545                 550                 555                 560
Gln Val Leu Thr Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
                565                 570                 575
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asp Cys Leu
            580                 585                 590
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
        595                 600                 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
    610                 615                 620
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625                 630                 635                 640
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Glu Gln Val Ala Arg His Met Tyr
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
            660                 665                 670
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
        675                 680                 685
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
    690                 695                 700
Lys Gly Ala Trp Leu Asn Asp Leu Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
705                 710                 715                 720
Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
                725                 730                 735
Asp
```

<210> 132
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> SEQ ID NO: 132

<400> 132

```
Met Ser Pro Pro His Gly Phe Ser Ser Val Pro Ser Thr Ala Ala Arg
1               5                  10                  15
Arg Arg Leu Ser Ser Lys Ala Ser Leu Thr Asn Arg Pro Thr Phe Thr
            20                  25                  30
Lys Ile Thr Thr Gln Thr Tyr Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly
        35                  40                  45
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
    50                  55                  60
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65                  70                  75                  80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
                85                  90                  95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
            100                 105                 110
Phe Leu Gly Ala Gly Ile Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
        115                 120                 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
    130                 135                 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145                 150                 155                 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
                165                 170                 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
            180                 185                 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
        195                 200                 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
    210                 215                 220
Asn Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ala
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Tyr Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Val Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
```

```
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Gln Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Val Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp
545                 550                 555                 560
Gln Val Leu Thr Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
                565                 570                 575
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asp Cys Leu
            580                 585                 590
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
        595                 600                 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
    610                 615                 620
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625                 630                 635                 640
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Ala Gln Val Ala Arg His Met Tyr
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
            660                 665                 670
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
        675                 680                 685
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
    690                 695                 700
Lys Gly Ala Trp Leu Asn Asp Leu Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
705                 710                 715                 720
Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
                725                 730                 735
Asp
```

<210> 133
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> SEQ ID NO: 133

<400> 133

```
Met Ser Pro Pro His Gly Phe Ser Ser Val Pro Ser Thr Ala Ala Arg
1               5                   10                  15
```

```
Arg Arg Leu Ser Ser Lys Ala Ser Leu Thr Asn Arg Pro Thr Phe Thr
            20                  25                  30
Lys Ile Thr Thr Gln Thr Tyr Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly
        35                  40                  45
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
    50                  55                  60
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65                  70                  75                  80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
                85                  90                  95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
            100                 105                 110
Phe Leu Gly Ala Gly Ile Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
        115                 120                 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
    130                 135                 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145                 150                 155                 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
                165                 170                 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
            180                 185                 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
        195                 200                 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
    210                 215                 220
Asn Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ala
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Tyr Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Pro Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
```

```
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Gln Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Val Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp
545                 550                 555                 560
Gln Val Leu Thr Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
                565                 570                 575
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asn Cys Leu
            580                 585                 590
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
        595                 600                 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
    610                 615                 620
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625                 630                 635                 640
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Ala Gln Val Ala Arg His Met Tyr
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
            660                 665                 670
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
        675                 680                 685
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
    690                 695                 700
Lys Gly Ala Trp Leu Asn Asp Leu Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
705                 710                 715                 720
Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
                725                 730                 735
Asp
```

<210> 134
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> SEQ ID NO: 134

```
<400> 134
Met Ser Pro Pro His Gly Phe Ser Ser Val Pro Ser Thr Ala Ala Arg
1               5                   10                  15
Arg Arg Leu Ser Ser Lys Ala Ser Leu Thr Asn Arg Pro Thr Phe Thr
            20                  25                  30
Lys Ile Thr Thr Gln Thr Tyr Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly
```

```
        35                  40                  45
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
    50                  55                  60
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65                  70                  75                  80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
                85                  90                  95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
            100                 105                 110
Phe Leu Gly Ala Gly Ile Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
        115                 120                 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
    130                 135                 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145                 150                 155                 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
                165                 170                 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
            180                 185                 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
        195                 200                 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
    210                 215                 220
Asn Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ala
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Ala Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Val Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
```

```
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Gln Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Val Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp
545                 550                 555                 560
Gln Val Leu Thr Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
                565                 570                 575
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asp Cys Leu
            580                 585                 590
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
        595                 600                 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
    610                 615                 620
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625                 630                 635                 640
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Ala Gln Val Ala Arg His Met Tyr
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
            660                 665                 670
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
        675                 680                 685
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
    690                 695                 700
Lys Gly Ala Trp Leu Asn Asp Leu Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
705                 710                 715                 720
Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
                725                 730                 735
Asp
```

<210> 135
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> SEQ ID NO: 135

```
<400> 135
Met Ser Pro Pro His Gly Phe Ser Ser Val Pro Ser Thr Ala Ala Arg
1               5                  10                  15
Arg Arg Leu Ser Ser Lys Ala Ser Leu Thr Asn Arg Pro Thr Phe Thr
            20                  25                  30
Lys Ile Thr Thr Gln Thr Tyr Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly
        35                  40                  45
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
    50                  55                  60
```

```
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65                  70                  75                  80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
                85                  90                  95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
            100                 105                 110
Phe Leu Gly Ala Gly Ile Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
        115                 120                 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
    130                 135                 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145                 150                 155                 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
                165                 170                 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
            180                 185                 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
        195                 200                 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
    210                 215                 220
Asn Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ala
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Ala Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Pro Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Gln Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
```

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

<210> 136
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> SEQ ID NO: 136

```
<400> 136
Met Ser Pro Pro His Gly Phe Ser Ser Val Pro Ser Thr Ala Ala Arg
1               5                   10                  15
Arg Arg Leu Ser Ser Lys Ala Ser Leu Thr Asn Arg Pro Thr Phe Thr
            20                  25                  30
Lys Ile Thr Thr Gln Thr Tyr Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly
        35                  40                  45
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
    50                  55                  60
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65                  70                  75                  80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
```

```
                85                  90                  95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
            100                 105                 110
Phe Leu Gly Ala Gly Ile Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
        115                 120                 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
    130                 135                 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145                 150                 155                 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
                165                 170                 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
            180                 185                 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
        195                 200                 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
    210                 215                 220
Asn Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ala
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Val Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Ala Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
```

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

<210> 137
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> SEQ ID NO: 137

<400> 137

```
Met Ser Pro Pro His Gly Phe Ser Ser Val Pro Ser Thr Ala Ala Arg
1               5                   10                  15
Arg Arg Leu Ser Ser Lys Ala Ser Leu Thr Asn Arg Pro Thr Phe Thr
            20                  25                  30
Lys Ile Thr Thr Gln Thr Tyr Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly
        35                  40                  45
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
    50                  55                  60
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65                  70                  75                  80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
                85                  90                  95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
            100                 105                 110
```

```
Phe Leu Gly Ala Gly Ile Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
        115                 120                 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
    130                 135                 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145                 150                 155                 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
                165                 170                 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
            180                 185                 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
        195                 200                 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
    210                 215                 220
Asn Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ala
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Val Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Gln Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
```

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

<210> 138
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> SEQ ID NO: 138

<400> 138

```
Met Ser Pro Pro His Gly Phe Ser Ser Val Pro Ser Thr Ala Ala Arg
1               5                  10                  15
Arg Arg Leu Ser Ser Lys Ala Ser Leu Thr Asn Arg Pro Thr Phe Thr
            20                  25                  30
Lys Ile Thr Thr Gln Thr Tyr Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly
        35                  40                  45
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
    50                  55                  60
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65                  70                  75                  80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
                85                  90                  95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
            100                 105                 110
Phe Leu Gly Ala Gly Ile Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
        115                 120                 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
```

```
    130                 135                 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145                 150                 155                 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
                165                 170                 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
            180                 185                 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
        195                 200                 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
    210                 215                 220
Asn Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ala
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Val Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Gln Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Val Asp Asp Pro Asp Ala Thr Ile Ile Tyr Asp
545                 550                 555                 560
Gln Val Leu Thr Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
```

```
                565                 570                 575
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asp Cys Leu
            580                 585                 590
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
        595                 600                 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
    610                 615                 620
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625                 630                 635                 640
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Ala Gln Val Ala Arg His Met Tyr
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
            660                 665                 670
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
        675                 680                 685
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
    690                 695                 700
Lys Gly Ala Trp Leu Asn Asp Leu Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
705                 710                 715                 720
Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
                725                 730                 735
Asp
```

<210> 139
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> SEQ ID NO: 139

<400> 139

```
Met Ser Pro Pro His Gly Phe Ser Ser Val Pro Ser Thr Ala Ala Arg
1               5                   10                  15
Arg Arg Leu Ser Ser Lys Ala Ser Leu Thr Asn Arg Pro Thr Phe Thr
            20                  25                  30
Lys Ile Thr Thr Gln Thr Tyr Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly
        35                  40                  45
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
    50                  55                  60
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65                  70                  75                  80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
                85                  90                  95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
            100                 105                 110
Phe Leu Gly Ala Gly Ile Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
        115                 120                 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
    130                 135                 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145                 150                 155                 160
```

```
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
                165                 170                 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
            180                 185                 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
        195                 200                 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
    210                 215                 220
Asn Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ala
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Val Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Gln Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Val Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp
545                 550                 555                 560
Gln Val Leu Glu Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
                565                 570                 575
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asp Cys Leu
            580                 585                 590
```

```
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
        595                 600                 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
    610                 615                 620
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625                 630                 635                 640
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Ala Gln Val Ala Arg His Met Tyr
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
            660                 665                 670
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
        675                 680                 685
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
    690                 695                 700
Lys Gly Ala Trp Leu Asn Asp Leu Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
705                 710                 715                 720
Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
                725                 730                 735
Asp
```

<210> 140
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> SEQ ID NO: 140

<400> 140

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

```
            180                 185                 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
        195                 200                 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
    210                 215                 220
Asn Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ala
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Val Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Gln Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Val Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp
545                 550                 555                 560
Gln Val Leu Thr Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
                565                 570                 575
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asn Cys Leu
            580                 585                 590
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
        595                 600                 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
```

```
    610                 615                 620
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625                 630                 635                 640
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Ala Gln Val Ala Arg His Met Tyr
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
            660                 665                 670
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
        675                 680                 685
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
    690                 695                 700
Lys Gly Ala Trp Leu Asn Asp Leu Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
705                 710                 715                 720
Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
                725                 730                 735
Asp
```

<210> 141
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> SEQ ID NO: 141

<400> 141

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

```
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
    210                 215                 220
Asn Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ala
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Val Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Gln Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Val Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp
545                 550                 555                 560
Gln Val Leu Thr Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
                565                 570                 575
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asp Cys Leu
            580                 585                 590
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
        595                 600                 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
    610                 615                 620
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625                 630                 635                 640
```

```
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Glu Gln Val Ala Arg His Met Tyr
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
            660                 665                 670
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
        675                 680                 685
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
    690                 695                 700
Lys Gly Ala Trp Leu Asn Asp Leu Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
705                 710                 715                 720
Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
                725                 730                 735
Asp
```

<210> 142
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> SEQ ID NO: 142

```
<400> 142
Met Ser Pro Pro His Gly Phe Ser Ser Val Pro Ser Thr Ala Ala Arg
1               5                   10                  15
Arg Arg Leu Ser Ser Lys Ala Ser Leu Thr Asn Arg Pro Thr Phe Thr
            20                  25                  30
Lys Ile Thr Thr Gln Thr Tyr Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly
        35                  40                  45
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
    50                  55                  60
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65                  70                  75                  80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
                85                  90                  95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
            100                 105                 110
Phe Leu Gly Ala Gly Ile Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
        115                 120                 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
    130                 135                 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145                 150                 155                 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
                165                 170                 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
            180                 185                 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
        195                 200                 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
    210                 215                 220
Asn Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
```

```
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ala
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Pro Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Ala Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Val Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp
545                 550                 555                 560
Gln Val Leu Glu Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
                565                 570                 575
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asp Cys Leu
            580                 585                 590
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
        595                 600                 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
    610                 615                 620
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625                 630                 635                 640
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Ala Gln Val Ala Arg His Met Tyr
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
```

```
           660                 665                 670
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
        675                 680                 685
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
    690                 695                 700
Lys Gly Ala Trp Leu Asn Asp Leu Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
705                 710                 715                 720
Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
                725                 730                 735
Asp
```

<210> 143
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> SEQ ID NO: 143

```
<400> 143
Met Ser Pro Pro His Gly Phe Ser Ser Val Pro Ser Thr Ala Ala Arg
1               5                   10                  15
Arg Arg Leu Ser Ser Lys Ala Ser Leu Thr Asn Arg Pro Thr Phe Thr
            20                  25                  30
Lys Ile Thr Thr Gln Thr Tyr Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly
        35                  40                  45
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
    50                  55                  60
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65                  70                  75                  80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
                85                  90                  95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
            100                 105                 110
Phe Leu Gly Ala Gly Ile Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
        115                 120                 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
    130                 135                 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145                 150                 155                 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
                165                 170                 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
            180                 185                 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
        195                 200                 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
    210                 215                 220
Asn Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
```

```
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ala
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Pro Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Ala Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Val Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp
545                 550                 555                 560
Gln Val Leu Thr Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
                565                 570                 575
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asn Cys Leu
            580                 585                 590
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
        595                 600                 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
    610                 615                 620
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625                 630                 635                 640
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Ala Gln Val Ala Arg His Met Tyr
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
            660                 665                 670
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
        675                 680                 685
```

```
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
    690                 695                 700
Lys Gly Ala Trp Leu Asn Asp Leu Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
705                 710                 715                 720
Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
                725                 730                 735
Asp
```

<210> 144
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> SEQ ID NO: 144

<400> 144

```
Met Ser Pro Pro His Gly Phe Ser Ser Val Pro Ser Thr Ala Ala Arg
1               5                   10                  15
Arg Arg Leu Ser Ser Lys Ala Ser Leu Thr Asn Arg Pro Thr Phe Thr
            20                  25                  30
Lys Ile Thr Thr Gln Thr Tyr Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly
        35                  40                  45
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
    50                  55                  60
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65                  70                  75                  80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
                85                  90                  95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
            100                 105                 110
Phe Leu Gly Ala Gly Ile Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
        115                 120                 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
    130                 135                 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145                 150                 155                 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
                165                 170                 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
            180                 185                 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
        195                 200                 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
    210                 215                 220
Asn Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
```

```
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ala
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Pro Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Ala Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Val Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp
545                 550                 555                 560
Gln Val Leu Thr Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
                565                 570                 575
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asp Cys Leu
            580                 585                 590
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
        595                 600                 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
    610                 615                 620
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625                 630                 635                 640
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Glu Gln Val Ala Arg His Met Tyr
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
            660                 665                 670
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
        675                 680                 685
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
    690                 695                 700
Lys Gly Ala Trp Leu Asn Asp Leu Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
```

705 710 715 720
Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
725 730 735
Asp

<210> 145
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> SEQ ID NO: 145

<400> 145
Met Ser Pro Pro His Gly Phe Ser Ser Val Pro Ser Thr Ala Ala Arg
1 5 10 15
Arg Arg Leu Ser Ser Lys Ala Ser Leu Thr Asn Arg Pro Thr Phe Thr
20 25 30
Lys Ile Thr Thr Gln Thr Tyr Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly
35 40 45
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
50 55 60
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65 70 75 80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
85 90 95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
100 105 110
Phe Leu Gly Ala Gly Ile Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
115 120 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
130 135 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145 150 155 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
165 170 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
180 185 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
195 200 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
210 215 220
Asn Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225 230 235 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
245 250 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
260 265 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
275 280 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ala
290 295 300

```
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Pro Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Gln Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Ile Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp
545                 550                 555                 560
Gln Val Leu Thr Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
                565                 570                 575
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asn Cys Leu
            580                 585                 590
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
        595                 600                 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
    610                 615                 620
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625                 630                 635                 640
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Ala Gln Val Ala Arg His Met Tyr
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
            660                 665                 670
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
        675                 680                 685
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
    690                 695                 700
Lys Gly Ala Trp Leu Asn Asp Leu Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
705                 710                 715                 720
Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
                725                 730                 735
```

Asp

<210> 146
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> SEQ ID NO: 146

<400> 146

```
Met Ser Pro Pro His Gly Phe Ser Ser Val Pro Ser Thr Ala Ala Arg
1               5                  10                  15
Arg Arg Leu Ser Ser Lys Ala Ser Leu Thr Asn Arg Pro Thr Phe Thr
            20                  25                  30
Lys Ile Thr Thr Gln Thr Tyr Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly
        35                  40                  45
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
    50                  55                  60
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65                  70                  75                  80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
                85                  90                  95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
            100                 105                 110
Phe Leu Gly Ala Gly Ile Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
        115                 120                 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
    130                 135                 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145                 150                 155                 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
                165                 170                 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
            180                 185                 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
        195                 200                 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
    210                 215                 220
Asn Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ala
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
```

```
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Pro Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Gln Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Val Asp Asp Pro Asp Ala Thr Ile Ile Tyr Asp
545                 550                 555                 560
Gln Val Leu Glu Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
                565                 570                 575
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asp Cys Leu
            580                 585                 590
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
        595                 600                 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
    610                 615                 620
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625                 630                 635                 640
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Ala Gln Val Ala Arg His Met Tyr
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
            660                 665                 670
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
        675                 680                 685
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
    690                 695                 700
Lys Gly Ala Trp Leu Asn Asp Leu Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
705                 710                 715                 720
Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
                725                 730                 735
Asp
```

<210> 147
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> SEQ ID NO: 147

<400> 147
Met Ser Pro Pro His Gly Phe Ser Ser Val Pro Ser Thr Ala Ala Arg
1 5 10 15
Arg Arg Leu Ser Ser Lys Ala Ser Leu Thr Asn Arg Pro Thr Phe Thr
20 25 30
Lys Ile Thr Thr Gln Thr Tyr Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly
35 40 45
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
50 55 60
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65 70 75 80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
85 90 95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
100 105 110
Phe Leu Gly Ala Gly Ile Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
115 120 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
130 135 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145 150 155 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
165 170 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
180 185 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
195 200 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
210 215 220
Asn Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225 230 235 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
245 250 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
260 265 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
275 280 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ala
290 295 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305 310 315 320
Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
325 330 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
340 345 350

```
Ile Thr Lys Asn Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Pro Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Gln Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Val Asp Asp Pro Asp Ala Thr Ile Ile Tyr Asp
545                 550                 555                 560
Gln Val Leu Thr Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
                565                 570                 575
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asn Cys Leu
            580                 585                 590
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
        595                 600                 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
    610                 615                 620
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625                 630                 635                 640
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Ala Gln Val Ala Arg His Met Tyr
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
            660                 665                 670
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
        675                 680                 685
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
    690                 695                 700
Lys Gly Ala Trp Leu Asn Asp Leu Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
705                 710                 715                 720
Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
                725                 730                 735
Asp
```

<210> 148
<211> 737
<212> PRT

<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> SEQ ID NO: 148

<400> 148

```
Met Ser Pro Pro His Gly Phe Ser Ser Val Pro Ser Thr Ala Ala Arg
1               5                  10                  15
Arg Arg Leu Ser Ser Lys Ala Ser Leu Thr Asn Arg Pro Thr Phe Thr
            20                  25                  30
Lys Ile Thr Thr Gln Thr Tyr Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly
        35                  40                  45
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
    50                  55                  60
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65                  70                  75                  80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
                85                  90                  95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
            100                 105                 110
Phe Leu Gly Ala Gly Ile Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
        115                 120                 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
    130                 135                 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145                 150                 155                 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
                165                 170                 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
            180                 185                 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
        195                 200                 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
    210                 215                 220
Asn Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ala
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Pro Gly
```

```
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Gln Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Val Asp Asp Pro Asp Ala Thr Ile Ile Tyr Asp
545                 550                 555                 560
Gln Val Leu Thr Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
                565                 570                 575
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asp Cys Leu
            580                 585                 590
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
        595                 600                 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
    610                 615                 620
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625                 630                 635                 640
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Glu Gln Val Ala Arg His Met Tyr
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
            660                 665                 670
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
        675                 680                 685
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
    690                 695                 700
Lys Gly Ala Trp Leu Asn Asp Leu Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
705                 710                 715                 720
Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
                725                 730                 735
Asp
```

<210> 149
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> SEQ ID NO: 149

<400> 149

```
Met Ser Pro Pro His Gly Phe Ser Ser Val Pro Ser Thr Ala Ala Arg
1               5                  10                  15
Arg Arg Leu Ser Ser Lys Ala Ser Leu Thr Asn Arg Pro Thr Phe Thr
            20                  25                  30
Lys Ile Thr Thr Gln Thr Tyr Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly
        35                  40                  45
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
    50                  55                  60
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65                  70                  75                  80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
                85                  90                  95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
            100                 105                 110
Phe Leu Gly Ala Gly Ile Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
        115                 120                 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
    130                 135                 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145                 150                 155                 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
                165                 170                 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
            180                 185                 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
        195                 200                 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
    210                 215                 220
Asn Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ala
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Pro Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
```

```
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Gln Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Val Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp
545                 550                 555                 560
Gln Val Leu Glu Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
                565                 570                 575
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asn Cys Leu
            580                 585                 590
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
        595                 600                 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
    610                 615                 620
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625                 630                 635                 640
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Ala Gln Val Ala Arg His Met Tyr
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
            660                 665                 670
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
        675                 680                 685
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
    690                 695                 700
Lys Gly Ala Trp Leu Asn Asp Leu Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
705                 710                 715                 720
Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
                725                 730                 735
Asp
```

<210> 150
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> SEQ ID NO: 150

<400> 150

```
Met Ser Pro Pro His Gly Phe Ser Ser Val Pro Ser Thr Ala Ala Arg
1               5                  10                  15
Arg Arg Leu Ser Ser Lys Ala Ser Leu Thr Asn Arg Pro Thr Phe Thr
            20                  25                  30
Lys Ile Thr Thr Gln Thr Tyr Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly
        35                  40                  45
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
    50                  55                  60
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65                  70                  75                  80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
                85                  90                  95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
            100                 105                 110
Phe Leu Gly Ala Gly Ile Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
        115                 120                 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
    130                 135                 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145                 150                 155                 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
                165                 170                 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
            180                 185                 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
        195                 200                 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
    210                 215                 220
Asn Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ala
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Pro Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
```

```
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Gln Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Val Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp
545                 550                 555                 560
Gln Val Leu Glu Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
                565                 570                 575
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asp Cys Leu
            580                 585                 590
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
        595                 600                 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
    610                 615                 620
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625                 630                 635                 640
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Ala Gln Val Ala Arg His Met Tyr
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
            660                 665                 670
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
        675                 680                 685
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
    690                 695                 700
Lys Gly Ala Trp Leu Asn Asp Met Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
705                 710                 715                 720
Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
                725                 730                 735
Asp
```

<210> 151
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> SEQ ID NO: 151

<400> 151

```
Met Ser Pro Pro His Gly Phe Ser Ser Val Pro Ser Thr Ala Ala Arg
1               5                   10                  15
```

```
Arg Arg Leu Ser Ser Lys Ala Ser Leu Thr Asn Arg Pro Thr Phe Thr
            20                  25                  30
Lys Ile Thr Thr Gln Thr Tyr Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly
        35                  40                  45
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
    50                  55                  60
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65                  70                  75                  80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
                85                  90                  95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
            100                 105                 110
Phe Leu Gly Ala Gly Ile Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
        115                 120                 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
    130                 135                 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145                 150                 155                 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
                165                 170                 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
            180                 185                 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
        195                 200                 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
    210                 215                 220
Asn Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ala
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Pro Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
```

```
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Gln Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Val Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp
545                 550                 555                 560
Gln Val Leu Thr Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
                565                 570                 575
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asn Cys Leu
            580                 585                 590
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
        595                 600                 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
    610                 615                 620
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625                 630                 635                 640
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Glu Gln Val Ala Arg His Met Tyr
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
            660                 665                 670
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
        675                 680                 685
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
    690                 695                 700
Lys Gly Ala Trp Leu Asn Asp Leu Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
705                 710                 715                 720
Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
                725                 730                 735
Asp
```

<210> 152
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> SEQ ID NO: 152

<400> 152

```
Met Ser Pro Pro His Gly Phe Ser Ser Val Pro Ser Thr Ala Ala Arg
1               5                   10                  15
Arg Arg Leu Ser Ser Lys Ala Ser Leu Thr Asn Arg Pro Thr Phe Thr
            20                  25                  30
Lys Ile Thr Thr Gln Thr Tyr Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly
```

```
        35                  40                  45
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
    50                  55                  60
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65                  70                  75                  80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
                85                  90                  95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
            100                 105                 110
Phe Leu Gly Ala Gly Ile Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
        115                 120                 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
    130                 135                 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145                 150                 155                 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
                165                 170                 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
            180                 185                 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
        195                 200                 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
    210                 215                 220
Asn Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ala
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Pro Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
```

```
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Gln Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Val Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp
545                 550                 555                 560
Gln Val Leu Thr Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
                565                 570                 575
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asn Cys Leu
            580                 585                 590
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
        595                 600                 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
    610                 615                 620
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625                 630                 635                 640
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Ala Gln Val Ala Arg His Met Tyr
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
            660                 665                 670
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
        675                 680                 685
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
    690                 695                 700
Lys Gly Ala Trp Leu Asn Asp Met Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
705                 710                 715                 720
Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
                725                 730                 735
Asp
```

<210> 153
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> SEQ ID NO: 153

```
<400> 153
Met Ser Pro Pro His Gly Phe Ser Ser Val Pro Ser Thr Ala Ala Arg
1               5                   10                  15
Arg Arg Leu Ser Ser Lys Ala Ser Leu Thr Asn Arg Pro Thr Phe Thr
            20                  25                  30
Lys Ile Thr Thr Gln Thr Tyr Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly
        35                  40                  45
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
    50                  55                  60
```

```
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65                  70                  75                  80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
                85                  90                  95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
            100                 105                 110
Phe Leu Gly Ala Gly Ile Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
        115                 120                 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
    130                 135                 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145                 150                 155                 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
                165                 170                 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
            180                 185                 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
        195                 200                 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
    210                 215                 220
Asn Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ala
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Pro Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Gln Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
```

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

<210> 154
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> SEQIDNO:154

```
<400> 154
Met Ser Pro Pro His Gly Phe Ser Ser Val Pro Ser Thr Ala Ala Arg
1               5                   10                  15
Arg Arg Leu Ser Ser Lys Ala Ser Leu Thr Asn Arg Pro Thr Phe Thr
            20                  25                  30
Lys Ile Thr Thr Gln Thr Tyr Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly
        35                  40                  45
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
    50                  55                  60
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65                  70                  75                  80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
```

```
                85                  90                  95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
            100                 105                 110
Phe Ile Gly Ala Gly Ile Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
        115                 120                 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
    130                 135                 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145                 150                 155                 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
                165                 170                 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
            180                 185                 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
        195                 200                 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
    210                 215                 220
Val Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ile
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Ile Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Ala Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Val Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Ala Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
```

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

<210> 155
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> SEQIDNO:155

```
<400> 155
Met Ser Pro Pro His Gly Phe Ser Ser Val Pro Ser Thr Ala Ala Arg
1               5                  10                  15
Arg Arg Leu Ser Ser Lys Ala Ser Leu Thr Asn Arg Pro Thr Phe Thr
            20                  25                  30
Lys Ile Thr Thr Gln Thr Tyr Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly
        35                  40                  45
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
    50                  55                  60
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65                  70                  75                  80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
                85                  90                  95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
            100                 105                 110
```

```
Phe Ile Gly Ala Gly Val Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
        115                 120                 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
    130                 135                 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145                 150                 155                 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
                165                 170                 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
            180                 185                 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
        195                 200                 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
    210                 215                 220
Val Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ala
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Ile Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Ala Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Val Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Ala Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
```

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

<210> 156
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> SEQIDNO:156

<400> 156

```
Met Ser Pro Pro His Gly Phe Ser Ser Val Pro Ser Thr Ala Ala Arg
1               5                  10                  15
Arg Arg Leu Ser Ser Lys Ala Ser Leu Thr Asn Arg Pro Thr Phe Thr
            20                  25                  30
Lys Ile Thr Thr Gln Thr Tyr Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly
        35                  40                  45
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
    50                  55                  60
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65                  70                  75                  80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
                85                  90                  95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
            100                 105                 110
Phe Ile Gly Ala Gly Val Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
        115                 120                 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
```

```
    130                 135                 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145                 150                 155                 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
                165                 170                 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
            180                 185                 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
        195                 200                 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
    210                 215                 220
Val Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ile
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Ile Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Val Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Ala Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Ile Asp Asp Pro Asp Ala Thr Ile Ile Tyr Asp
545                 550                 555                 560
Gln Val Leu Glu Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
```

```
                565                 570                 575
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asn Cys Leu
            580                 585                 590
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
        595                 600                 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
    610                 615                 620
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625                 630                 635                 640
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Glu Gln Val Ala Arg His Met Tyr
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
            660                 665                 670
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
        675                 680                 685
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
    690                 695                 700
Lys Gly Ala Trp Leu Asn Asp Met Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
705                 710                 715                 720
Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
                725                 730                 735
Asp
```

<210> 157
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> SEQIDNO:157

```
<400> 157
Met Ser Pro Pro His Gly Phe Ser Ser Val Pro Ser Thr Ala Ala Arg
1               5                   10                  15
Arg Arg Leu Ser Ser Lys Ala Ser Leu Thr Asn Arg Pro Thr Phe Thr
            20                  25                  30
Lys Ile Thr Thr Gln Thr Tyr Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly
        35                  40                  45
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
    50                  55                  60
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65                  70                  75                  80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
                85                  90                  95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
            100                 105                 110
Phe Ile Gly Ala Gly Val Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
        115                 120                 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
    130                 135                 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145                 150                 155                 160
```

```
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
                165                 170                 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
            180                 185                 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
        195                 200                 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
    210                 215                 220
Val Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ile
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Ile Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Ala Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Pro Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Ala Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Ile Asp Asp Pro Asp Ala Thr Ile Ile Tyr Asp
545                 550                 555                 560
Gln Val Leu Glu Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
                565                 570                 575
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asn Cys Leu
            580                 585                 590
```

```
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
        595                 600                 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
    610                 615                 620
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625                 630                 635                 640
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Glu Gln Val Ala Arg His Met Tyr
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
            660                 665                 670
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
        675                 680                 685
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
    690                 695                 700
Lys Gly Ala Trp Leu Asn Asp Met Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
705                 710                 715                 720
Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
                725                 730                 735
Asp
```

<210> 158
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> SEQIDNO:158

<400> 158

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

```
            180                 185                 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
        195                 200                 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
    210                 215                 220
Val Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ile
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Ile Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Ala Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Val Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Ala Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Ile Asp Asp Pro Asp Ala Thr Ile Ile Tyr Asp
545                 550                 555                 560
Gln Val Leu Glu Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
                565                 570                 575
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asp Cys Leu
            580                 585                 590
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
        595                 600                 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
```

```
    610                 615                 620
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625                 630                 635                 640
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Glu Gln Val Ala Arg His Met Tyr
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
            660                 665                 670
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
        675                 680                 685
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
    690                 695                 700
Lys Gly Ala Trp Leu Asn Asp Met Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
705                 710                 715                 720
Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
                725                 730                 735
Asp
```

<210> 159
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> SEQIDNO:159

<400> 159

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

```
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
    210                 215                 220
Val Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ile
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Ile Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Ala Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Val Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Ala Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Ile Asp Asp Pro Asp Ala Thr Ile Ile Tyr Asp
545                 550                 555                 560
Gln Val Leu Glu Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
                565                 570                 575
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asn Cys Leu
            580                 585                 590
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
        595                 600                 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
    610                 615                 620
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625                 630                 635                 640
```

```
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Glu Gln Val Ala Arg His Met Tyr
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
            660                 665                 670
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
        675                 680                 685
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
    690                 695                 700
Lys Gly Ala Trp Leu Asn Asp Leu Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
705                 710                 715                 720
Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
                725                 730                 735
Asp
```

<210> 160
<211> 732
<212> PRT
<213> Grifola frondosa

<220>
<223> SEQ ID NO: 160

<400> 160

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

225 230 235 240
His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr Val Gly Lys Gly
245 250 255
Thr Trp Asn Ser Val Ile Lys Leu Ala Asp Glu Leu Arg Glu Lys Lys
260 265 270
Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly Gly Gly Val Ala
275 280 285
Leu Met Arg His Ala Ile Ile Arg Phe Phe Thr Ala Leu Asp Val Asp
290 295 300
Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val Phe Arg Thr Thr
305 310 315 320
Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Asp Pro Ser Leu Arg
325 330 335
Leu Thr Lys Glu Ala Ala Asp Asn Phe Asp Ser Trp Ile Leu Lys Asn
340 345 350
Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala Pro Gly Gly Val
355 360 365
Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Pro Gly Leu Ile Pro Leu
370 375 380
Ile Lys Arg Ile Arg Pro Asp Leu Pro Ile Ile Tyr Arg Ser His Ile
385 390 395 400
Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Val Lys Gly Ser Pro Gln Glu Glu
405 410 415
Val Trp Asn Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln His Ser Asp Leu Phe Ile
420 425 430
Ser His Pro Val Asn Lys Phe Val Pro Ser Asp Val Pro Leu Glu Lys
435 440 445
Leu Ala Leu Leu Gly Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp Gly Leu Ser Lys
450 455 460
His Leu Asp Ala Trp Asp Ser Gln Tyr Tyr Met Gly Glu Phe Arg Asn
465 470 475 480
Leu Cys Val Lys Glu Lys Met Asn Glu Leu Gly Trp Pro Ala Arg Glu
485 490 495
Tyr Ile Val Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ser Lys Gly Ile Pro Asn
500 505 510
Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Lys Leu Cys Val Asp Lys Val
515 520 525
Met Glu Asp Asp Ile Pro Gln Leu Leu Leu Cys Gly His Gly Ala Val
530 535 540
Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp Gln Val Leu Gln Leu Ile
545 550 555 560
His Ala Lys Tyr Lys Glu Tyr Ala Pro Asp Ile Val Val Met Arg Cys
565 570 575
Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asn Thr Leu Met Ala Asn Ala Lys Phe
580 585 590
Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe Glu Val Lys Val Ser Glu
595 600 605
Ala Leu His Ala Gly Lys Pro Val Ile Ala Cys Arg Thr Gly Gly Ile
610 615 620
Pro Leu Gln Ile Glu His Gly Lys Ser Gly Tyr Leu Cys Glu Pro Gly
625 630 635 640
Asp Asn Ala Ala Val Ala Gln His Met Leu Asp Leu Tyr Thr Asp Glu
645 650 655
Asp Leu Tyr Asp Thr Met Ser Glu Tyr Ala Arg Thr His Val Ser Asp

660 665 670
Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala Trp Met Tyr Leu Ala Val
675 680 685
Met Tyr Val Ser Arg Gly Val Lys Leu Arg Pro His Gly Ala Trp Ile
690 695 700
Asn Asp Leu Met Arg Thr Glu Met Gly Glu Pro Tyr Arg Pro Gly Glu
705 710 715 720
Pro Arg Leu Pro Arg Gly Glu Leu His Val Gln Gly
725 730

<210> 161
<211> 732
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> SEQ ID NO: 161

<400> 161
Met Ala Pro Pro His Gln Phe Gln Ser Lys Pro Ser Asp Val Ile Arg
1 5 10 15
Arg Arg Leu Ser Ser Ala Val Ser Ser Lys Arg Pro Asn Ile Pro Gly
20 25 30
Tyr Thr Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly Ile Ala Gly Ala Val Val
35 40 45
Asn Asn Asn Thr Gln Phe Glu Val Ala Ile Ser Ile His Asp Ser Val
50 55 60
Tyr Asn Thr Asp Phe Ala Ser Ser Val Val Pro Tyr Ser Pro Asn Glu
65 70 75 80
Pro Glu Ala Gln Ala Gly Ile Ile Glu Lys His Val Leu Glu Thr Leu
85 90 95
Arg Lys Phe Ser Thr Glu His Met Cys Lys Phe Ile Gly Ala Gly Val
100 105 110
Thr Val Ile Leu Leu Arg Glu Ala Pro Asn Leu Cys Thr Arg Leu Trp
115 120 125
Leu Asp Met Asp Ile Val Pro Ile Val Phe Asn Ile Lys Pro Phe His
130 135 140
Thr Asp Ser Ile Thr Arg Pro Asn Val Arg His Arg Ile Ser Ser Thr
145 150 155 160
Thr Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu Thr Pro Thr Val Tyr Tyr
165 170 175
Asp Pro Ala Gln Leu Gln Asp Pro Asn Lys Leu Ser Ala Asn Val Gln
180 185 190
Thr Arg Leu Pro Ile Pro Arg Thr Val Asp Glu Gln Ala Asp Ser Ala
195 200 205
Ala Arg Lys Cys Ile Met Tyr Phe Gly Pro Gly Asn Asn Pro Arg Leu
210 215 220
Gln Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala Gly Gly Lys Ile
225 230 235 240
His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr Val Gly Lys Gly
245 250 255
Thr Trp Asn Ser Val Ile Lys Leu Ala Asp Glu Leu Arg Glu Lys Lys
260 265 270

```
Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly Gly Gly Val Ala
        275                 280                 285
Leu Met Arg His Ala Ile Ile Arg Phe Phe Thr Ala Leu Asp Val Asp
    290                 295                 300
Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val Phe Arg Thr Thr
305                 310                 315                 320
Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Asp Pro Ser Leu Arg
                325                 330                 335
Leu Thr Lys Glu Ala Ala Asp Asn Phe Asp Ser Trp Ile Leu Lys Asn
            340                 345                 350
Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala Pro Gly Gly Val
        355                 360                 365
Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Pro Gly Leu Ile Pro Leu
    370                 375                 380
Ile Lys Arg Ile Arg Pro Asp Leu Pro Ile Ile Tyr Arg Ser His Ile
385                 390                 395                 400
Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Val Lys Gly Ser Pro Gln Glu Glu
                405                 410                 415
Val Trp Asn Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln His Ser Asp Leu Phe Ile
            420                 425                 430
Ser His Pro Val Asn Lys Phe Val Pro Ser Asp Val Pro Leu Glu Lys
        435                 440                 445
Leu Ala Leu Leu Gly Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp Gly Leu Ser Lys
    450                 455                 460
His Leu Asp Ala Trp Asp Ser Gln Tyr Tyr Met Gly Glu Phe Arg Asn
465                 470                 475                 480
Leu Cys Val Lys Glu Lys Met Asn Glu Leu Gly Trp Pro Ala Arg Glu
                485                 490                 495
Tyr Ile Val Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ser Lys Gly Ile Pro Asn
            500                 505                 510
Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Lys Leu Cys Val Asp Lys Val
        515                 520                 525
Met Glu Asp Asp Ile Pro Gln Leu Leu Leu Cys Gly His Gly Ala Val
    530                 535                 540
Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp Gln Val Leu Gln Leu Ile
545                 550                 555                 560
His Ala Lys Tyr Lys Glu Tyr Ala Pro Asp Ile Val Val Met Arg Cys
                565                 570                 575
Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asn Thr Leu Met Ala Asn Ala Lys Phe
            580                 585                 590
Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe Glu Val Lys Val Ser Glu
        595                 600                 605
Ala Leu His Ala Gly Lys Pro Val Ile Ala Cys Arg Thr Gly Gly Ile
    610                 615                 620
Pro Leu Gln Ile Glu His Gly Lys Ser Gly Tyr Leu Cys Glu Pro Gly
625                 630                 635                 640
Asp Asn Ala Ala Val Ala Gln His Met Leu Asp Leu Tyr Thr Asp Glu
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Asp Thr Met Ser Glu Tyr Ala Arg Thr His Val Ser Asp
            660                 665                 670
Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala Trp Met Tyr Leu Ala Val
        675                 680                 685
Met Tyr Val Ser Arg Gly Val Lys Leu Arg Pro His Gly Ala Trp Ile
    690                 695                 700
```

```
Asn Asp Leu Met Arg Thr Glu Met Gly Glu Pro Tyr Arg Pro Gly Glu
705                 710                 715                 720
Pro Arg Leu Pro Arg Gly Glu Leu His Val Gln Gly
                725                 730
```

<210> 162
<211> 732
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> SEQ ID NO: 162

<400> 162

```
Met Ala Pro Pro His Gln Phe Gln Ser Lys Pro Ser Asp Val Ile Arg
1               5                   10                  15
Arg Arg Leu Ser Ser Ala Val Ser Ser Lys Arg Pro Asn Ile Pro Gly
            20                  25                  30
Tyr Thr Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly Ile Ala Gly Ala Val Val
        35                  40                  45
Asn Asn Asn Thr Gln Phe Glu Val Ala Ile Ser Ile His Asp Ser Val
    50                  55                  60
Tyr Asn Thr Asp Phe Ala Ser Ser Val Val Pro Tyr Ser Pro Asn Glu
65                  70                  75                  80
Pro Glu Ala Gln Ala Gly Ile Ile Glu Lys His Val Leu Glu Thr Leu
                85                  90                  95
Arg Lys Phe Ser Thr Glu His Met Cys Lys Phe Leu Gly Ala Gly Ile
            100                 105                 110
Thr Val Ile Leu Leu Arg Glu Ala Pro Asn Leu Cys Thr Arg Leu Trp
        115                 120                 125
Leu Asp Met Asp Ile Val Pro Ile Val Phe Asn Ile Lys Pro Phe His
    130                 135                 140
Thr Asp Ser Ile Thr Arg Pro Asn Val Arg His Arg Ile Ser Ser Thr
145                 150                 155                 160
Thr Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu Thr Pro Thr Val Tyr Tyr
                165                 170                 175
Asp Pro Ala Gln Leu Gln Asp Pro Asn Lys Leu Ser Ala Asn Val Gln
            180                 185                 190
Thr Arg Leu Pro Ile Pro Arg Thr Val Asp Glu Gln Ala Asp Ser Ala
        195                 200                 205
Ala Arg Lys Cys Ile Met Tyr Phe Gly Pro Gly Asn Asn Pro Arg Leu
    210                 215                 220
Gln Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala Gly Gly Lys Ile
225                 230                 235                 240
His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr Val Gly Lys Gly
                245                 250                 255
Thr Trp Asn Ser Val Ile Lys Leu Ala Asp Glu Leu Arg Glu Lys Lys
            260                 265                 270
Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly Gly Gly Val Ala
        275                 280                 285
Leu Met Arg His Ala Ile Ile Arg Phe Phe Thr Ala Leu Asp Val Asp
    290                 295                 300
Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val Phe Arg Thr Thr
```

```
305                 310                 315                 320
Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Asp Pro Ser Leu Arg
                325                 330                 335
Leu Thr Lys Glu Ala Ala Asp Asn Phe Asp Ser Trp Ile Leu Lys Asn
            340                 345                 350
Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala Pro Gly Gly Val
        355                 360                 365
Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Pro Gly Leu Ile Pro Leu
    370                 375                 380
Ile Lys Arg Ile Arg Pro Asp Leu Pro Ile Ile Tyr Arg Ser His Ile
385                 390                 395                 400
Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Val Lys Gly Ser Pro Gln Glu Glu
                405                 410                 415
Val Trp Asn Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln His Ser Asp Leu Phe Ile
            420                 425                 430
Ser His Pro Val Asn Lys Phe Val Pro Ser Asp Val Pro Leu Glu Lys
        435                 440                 445
Leu Ala Leu Leu Gly Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp Gly Leu Ser Lys
    450                 455                 460
His Leu Asp Ala Trp Asp Ser Gln Tyr Tyr Met Gly Glu Phe Arg Asn
465                 470                 475                 480
Leu Cys Val Lys Glu Lys Met Asn Glu Leu Gly Trp Pro Ala Arg Glu
                485                 490                 495
Tyr Ile Val Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ser Lys Gly Ile Pro Asn
            500                 505                 510
Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Lys Leu Cys Val Asp Lys Val
        515                 520                 525
Met Glu Asp Asp Ile Pro Gln Leu Leu Leu Cys Gly His Gly Ala Val
    530                 535                 540
Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp Gln Val Leu Gln Leu Ile
545                 550                 555                 560
His Ala Lys Tyr Lys Glu Tyr Ala Pro Asp Ile Val Val Met Arg Cys
                565                 570                 575
Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asn Thr Leu Met Ala Asn Ala Lys Phe
            580                 585                 590
Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe Glu Val Lys Val Ser Glu
        595                 600                 605
Ala Leu His Ala Gly Lys Pro Val Ile Ala Cys Arg Thr Gly Gly Ile
    610                 615                 620
Pro Leu Gln Ile Glu His Gly Lys Ser Gly Tyr Leu Cys Glu Pro Gly
625                 630                 635                 640
Asp Asn Ala Ala Val Ala Gln His Met Leu Asp Leu Tyr Thr Asp Glu
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Asp Thr Met Ser Glu Tyr Ala Arg Thr His Val Ser Asp
            660                 665                 670
Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala Trp Met Tyr Leu Ala Val
        675                 680                 685
Met Tyr Val Ser Arg Gly Val Lys Leu Arg Pro His Gly Ala Trp Ile
    690                 695                 700
Asn Asp Leu Met Arg Thr Glu Met Gly Glu Pro Tyr Arg Pro Gly Glu
705                 710                 715                 720
Pro Arg Leu Pro Arg Gly Glu Leu His Val Gln Gly
                725                 730
```

<210> 163
<211> 732
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> SEQ ID NO: 163

<400> 163
Met Ala Pro Pro His Gln Phe Gln Ser Lys Pro Ser Asp Val Ile Arg
1 5 10 15
Arg Arg Leu Ser Ser Ala Val Ser Ser Lys Arg Pro Asn Ile Pro Gly
20 25 30
Tyr Thr Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly Ile Ala Gly Ala Val Val
35 40 45
Asn Asn Asn Thr Gln Phe Glu Val Ala Ile Ser Ile His Asp Ser Val
50 55 60
Tyr Asn Thr Asp Phe Ala Ser Ser Val Val Pro Tyr Ser Pro Asn Glu
65 70 75 80
Pro Glu Ala Gln Ala Gly Ile Ile Glu Lys His Val Leu Glu Thr Leu
85 90 95
Arg Lys Phe Ser Thr Glu His Met Cys Lys Phe Leu Gly Ala Gly Val
100 105 110
Thr Val Ile Leu Leu Arg Glu Ala Pro Asn Leu Cys Thr Arg Leu Trp
115 120 125
Leu Asp Met Asp Ile Val Pro Ile Val Phe Asn Ile Lys Pro Phe His
130 135 140
Thr Asp Ser Ile Thr Arg Pro Asn Val Arg His Arg Ile Ser Ser Thr
145 150 155 160
Thr Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu Thr Pro Thr Val Tyr Tyr
165 170 175
Asp Pro Ala Gln Leu Gln Asp Pro Asn Lys Leu Ser Ala Asn Val Gln
180 185 190
Thr Arg Leu Pro Ile Pro Arg Thr Val Asp Glu Gln Ala Asp Ser Ala
195 200 205
Ala Arg Lys Cys Ile Met Tyr Phe Gly Pro Gly Asn Val Pro Arg Leu
210 215 220
Gln Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala Gly Gly Lys Ile
225 230 235 240
His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr Val Gly Lys Gly
245 250 255
Thr Trp Asn Ser Val Ile Lys Leu Ala Asp Glu Leu Arg Glu Lys Lys
260 265 270
Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly Gly Gly Val Ala
275 280 285
Leu Met Arg His Ala Ile Ile Arg Phe Phe Thr Ala Leu Asp Val Asp
290 295 300
Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val Phe Arg Thr Thr
305 310 315 320
Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Asp Pro Ser Leu Arg
325 330 335
Leu Thr Lys Glu Ala Ala Asp Asn Phe Asp Ser Trp Ile Leu Lys Asn
340 345 350

```
Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala Pro Gly Gly Val
        355                 360                 365
Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Pro Gly Leu Ile Pro Leu
    370                 375                 380
Ile Lys Arg Ile Arg Pro Asp Leu Pro Ile Ile Tyr Arg Ser His Ile
385                 390                 395                 400
Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Val Lys Gly Ser Pro Gln Glu Glu
                405                 410                 415
Val Trp Asn Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln His Ser Asp Leu Phe Ile
            420                 425                 430
Ser His Pro Val Asn Lys Phe Val Pro Ser Asp Val Pro Leu Glu Lys
        435                 440                 445
Leu Ala Leu Leu Gly Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp Gly Leu Ser Lys
    450                 455                 460
His Leu Asp Ala Trp Asp Ser Gln Tyr Tyr Met Gly Glu Phe Arg Asn
465                 470                 475                 480
Leu Cys Val Lys Glu Lys Met Asn Glu Leu Gly Trp Pro Ala Arg Glu
                485                 490                 495
Tyr Ile Val Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ser Lys Gly Ile Pro Asn
            500                 505                 510
Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Lys Leu Cys Val Asp Lys Val
        515                 520                 525
Met Glu Asp Asp Ile Pro Gln Leu Leu Leu Cys Gly His Gly Ala Val
    530                 535                 540
Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp Gln Val Leu Gln Leu Ile
545                 550                 555                 560
His Ala Lys Tyr Lys Glu Tyr Ala Pro Asp Ile Val Val Met Arg Cys
                565                 570                 575
Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asn Thr Leu Met Ala Asn Ala Lys Phe
            580                 585                 590
Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe Glu Val Lys Val Ser Glu
        595                 600                 605
Ala Leu His Ala Gly Lys Pro Val Ile Ala Cys Arg Thr Gly Gly Ile
    610                 615                 620
Pro Leu Gln Ile Glu His Gly Lys Ser Gly Tyr Leu Cys Glu Pro Gly
625                 630                 635                 640
Asp Asn Ala Ala Val Ala Gln His Met Leu Asp Leu Tyr Thr Asp Glu
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Asp Thr Met Ser Glu Tyr Ala Arg Thr His Val Ser Asp
            660                 665                 670
Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala Trp Met Tyr Leu Ala Val
        675                 680                 685
Met Tyr Val Ser Arg Gly Val Lys Leu Arg Pro His Gly Ala Trp Ile
    690                 695                 700
Asn Asp Leu Met Arg Thr Glu Met Gly Glu Pro Tyr Arg Pro Gly Glu
705                 710                 715                 720
Pro Arg Leu Pro Arg Gly Glu Leu His Val Gln Gly
                725                 730
```

<210> 164
<211> 732
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> SEQ ID NO: 164

<400> 164

```
Met Ala Pro Pro His Gln Phe Gln Ser Lys Pro Ser Asp Val Ile Arg
1               5                  10                  15
Arg Arg Leu Ser Ser Ala Val Ser Ser Lys Arg Pro Asn Ile Pro Gly
            20                  25                  30
Tyr Thr Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly Ile Ala Gly Ala Val Val
        35                  40                  45
Asn Asn Asn Thr Gln Phe Glu Val Ala Ile Ser Ile His Asp Ser Val
    50                  55                  60
Tyr Asn Thr Asp Phe Ala Ser Ser Val Val Pro Tyr Ser Pro Asn Glu
65                  70                  75                  80
Pro Glu Ala Gln Ala Gly Ile Ile Glu Lys His Val Leu Glu Thr Leu
                85                  90                  95
Arg Lys Phe Ser Thr Glu His Met Cys Lys Phe Leu Gly Ala Gly Val
            100                 105                 110
Thr Val Ile Leu Leu Arg Glu Ala Pro Asn Leu Cys Thr Arg Leu Trp
        115                 120                 125
Leu Asp Met Asp Ile Val Pro Ile Val Phe Asn Ile Lys Pro Phe His
    130                 135                 140
Thr Asp Ser Ile Thr Arg Pro Asn Val Arg His Arg Ile Ser Ser Thr
145                 150                 155                 160
Thr Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu Thr Pro Thr Val Tyr Tyr
                165                 170                 175
Asp Pro Ala Gln Leu Gln Asp Pro Asn Lys Leu Ser Ala Asn Val Gln
            180                 185                 190
Thr Arg Leu Pro Ile Pro Arg Thr Val Asp Glu Gln Ala Asp Ser Ala
        195                 200                 205
Ala Arg Lys Cys Ile Met Tyr Phe Gly Pro Gly Asn Asn Pro Arg Leu
    210                 215                 220
Gln Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala Gly Gly Lys Ile
225                 230                 235                 240
His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr Val Gly Lys Gly
                245                 250                 255
Thr Trp Asn Ser Val Ile Lys Leu Ala Asp Glu Leu Arg Glu Lys Lys
            260                 265                 270
Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly Gly Gly Val Ala
        275                 280                 285
Leu Met Arg His Ala Ile Ile Arg Phe Phe Thr Ile Leu Asp Val Asp
    290                 295                 300
Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val Phe Arg Thr Thr
305                 310                 315                 320
Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Asp Pro Ser Leu Arg
                325                 330                 335
Leu Thr Lys Glu Ala Ala Asp Asn Phe Asp Ser Trp Ile Leu Lys Asn
            340                 345                 350
Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala Pro Gly Gly Val
        355                 360                 365
Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Pro Gly Leu Ile Pro Leu
    370                 375                 380
Ile Lys Arg Ile Arg Pro Asp Leu Pro Ile Ile Tyr Arg Ser His Ile
```

```
385                 390                 395                 400
Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Val Lys Gly Ser Pro Gln Glu Glu
                405                 410                 415
Val Trp Asn Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln His Ser Asp Leu Phe Ile
            420                 425                 430
Ser His Pro Val Asn Lys Phe Val Pro Ser Asp Val Pro Leu Glu Lys
        435                 440                 445
Leu Ala Leu Leu Gly Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp Gly Leu Ser Lys
    450                 455                 460
His Leu Asp Ala Trp Asp Ser Gln Tyr Tyr Met Gly Glu Phe Arg Asn
465                 470                 475                 480
Leu Cys Val Lys Glu Lys Met Asn Glu Leu Gly Trp Pro Ala Arg Glu
                485                 490                 495
Tyr Ile Val Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ser Lys Gly Ile Pro Asn
            500                 505                 510
Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Lys Leu Cys Val Asp Lys Val
        515                 520                 525
Met Glu Asp Asp Ile Pro Gln Leu Leu Leu Cys Gly His Gly Ala Val
    530                 535                 540
Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp Gln Val Leu Gln Leu Ile
545                 550                 555                 560
His Ala Lys Tyr Lys Glu Tyr Ala Pro Asp Ile Val Val Met Arg Cys
                565                 570                 575
Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asn Thr Leu Met Ala Asn Ala Lys Phe
            580                 585                 590
Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe Glu Val Lys Val Ser Glu
        595                 600                 605
Ala Leu His Ala Gly Lys Pro Val Ile Ala Cys Arg Thr Gly Gly Ile
    610                 615                 620
Pro Leu Gln Ile Glu His Gly Lys Ser Gly Tyr Leu Cys Glu Pro Gly
625                 630                 635                 640
Asp Asn Ala Ala Val Ala Gln His Met Leu Asp Leu Tyr Thr Asp Glu
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Asp Thr Met Ser Glu Tyr Ala Arg Thr His Val Ser Asp
            660                 665                 670
Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala Trp Met Tyr Leu Ala Val
        675                 680                 685
Met Tyr Val Ser Arg Gly Val Lys Leu Arg Pro His Gly Ala Trp Ile
    690                 695                 700
Asn Asp Leu Met Arg Thr Glu Met Gly Glu Pro Tyr Arg Pro Gly Glu
705                 710                 715                 720
Pro Arg Leu Pro Arg Gly Glu Leu His Val Gln Gly
                725                 730
```

<210> 165
<211> 732
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> SEQ ID NO: 165

<400> 165

```
Met Ala Pro Pro His Gln Phe Gln Ser Lys Pro Ser Asp Val Ile Arg
1               5                  10                  15
Arg Arg Leu Ser Ser Ala Val Ser Ser Lys Arg Pro Asn Ile Pro Gly
            20                  25                  30
Tyr Thr Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly Ile Ala Gly Ala Val Val
        35                  40                  45
Asn Asn Asn Thr Gln Phe Glu Val Ala Ile Ser Ile His Asp Ser Val
    50                  55                  60
Tyr Asn Thr Asp Phe Ala Ser Ser Val Val Pro Tyr Ser Pro Asn Glu
65                  70                  75                  80
Pro Glu Ala Gln Ala Gly Ile Ile Glu Lys His Val Leu Glu Thr Leu
                85                  90                  95
Arg Lys Phe Ser Thr Glu His Met Cys Lys Phe Leu Gly Ala Gly Val
            100                 105                 110
Thr Val Ile Leu Leu Arg Glu Ala Pro Asn Leu Cys Thr Arg Leu Trp
        115                 120                 125
Leu Asp Met Asp Ile Val Pro Ile Val Phe Asn Ile Lys Pro Phe His
    130                 135                 140
Thr Asp Ser Ile Thr Arg Pro Asn Val Arg His Arg Ile Ser Ser Thr
145                 150                 155                 160
Thr Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu Thr Pro Thr Val Tyr Tyr
                165                 170                 175
Asp Pro Ala Gln Leu Gln Asp Pro Asn Lys Leu Ser Ala Asn Val Gln
            180                 185                 190
Thr Arg Leu Pro Ile Pro Arg Thr Val Asp Glu Gln Ala Asp Ser Ala
        195                 200                 205
Ala Arg Lys Cys Ile Met Tyr Phe Gly Pro Gly Asn Asn Pro Arg Leu
    210                 215                 220
Gln Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala Gly Gly Lys Ile
225                 230                 235                 240
His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr Val Gly Lys Gly
                245                 250                 255
Thr Trp Asn Ser Val Ile Lys Leu Ala Asp Glu Leu Arg Glu Lys Lys
            260                 265                 270
Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly Gly Gly Val Ala
        275                 280                 285
Leu Met Arg His Ala Ile Ile Arg Phe Phe Thr Ala Leu Asp Val Asp
    290                 295                 300
Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val Phe Arg Ile Thr
305                 310                 315                 320
Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Asp Pro Ser Leu Arg
                325                 330                 335
Leu Thr Lys Glu Ala Ala Asp Asn Phe Asp Ser Trp Ile Leu Lys Asn
            340                 345                 350
Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala Pro Gly Gly Val
        355                 360                 365
Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Pro Gly Leu Ile Pro Leu
    370                 375                 380
Ile Lys Arg Ile Arg Pro Asp Leu Pro Ile Ile Tyr Arg Ser His Ile
385                 390                 395                 400
Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Val Lys Gly Ser Pro Gln Glu Glu
                405                 410                 415
Val Trp Asn Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln His Ser Asp Leu Phe Ile
            420                 425                 430
```

```
Ser His Pro Val Asn Lys Phe Val Pro Ser Asp Val Pro Leu Glu Lys
        435                 440                 445
Leu Ala Leu Leu Gly Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp Gly Leu Ser Lys
    450                 455                 460
His Leu Asp Ala Trp Asp Ser Gln Tyr Tyr Met Gly Glu Phe Arg Asn
465                 470                 475                 480
Leu Cys Val Lys Glu Lys Met Asn Glu Leu Gly Trp Pro Ala Arg Glu
                485                 490                 495
Tyr Ile Val Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ser Lys Gly Ile Pro Asn
            500                 505                 510
Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Lys Leu Cys Val Asp Lys Val
        515                 520                 525
Met Glu Asp Asp Ile Pro Gln Leu Leu Leu Cys Gly His Gly Ala Val
    530                 535                 540
Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp Gln Val Leu Gln Leu Ile
545                 550                 555                 560
His Ala Lys Tyr Lys Glu Tyr Ala Pro Asp Ile Val Val Met Arg Cys
                565                 570                 575
Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asn Thr Leu Met Ala Asn Ala Lys Phe
            580                 585                 590
Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe Glu Val Lys Val Ser Glu
        595                 600                 605
Ala Leu His Ala Gly Lys Pro Val Ile Ala Cys Arg Thr Gly Gly Ile
    610                 615                 620
Pro Leu Gln Ile Glu His Gly Lys Ser Gly Tyr Leu Cys Glu Pro Gly
625                 630                 635                 640
Asp Asn Ala Ala Val Ala Gln His Met Leu Asp Leu Tyr Thr Asp Glu
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Asp Thr Met Ser Glu Tyr Ala Arg Thr His Val Ser Asp
            660                 665                 670
Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala Trp Met Tyr Leu Ala Val
        675                 680                 685
Met Tyr Val Ser Arg Gly Val Lys Leu Arg Pro His Gly Ala Trp Ile
    690                 695                 700
Asn Asp Leu Met Arg Thr Glu Met Gly Glu Pro Tyr Arg Pro Gly Glu
705                 710                 715                 720
Pro Arg Leu Pro Arg Gly Glu Leu His Val Gln Gly
                725                 730
```

<210> 166
<211> 732
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> SEQ ID NO: 166

<400> 166

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

```
        35                  40                  45
Asn Asn Asn Thr Gln Phe Glu Val Ala Ile Ser Ile His Asp Ser Val
    50                  55                  60
Tyr Asn Thr Asp Phe Ala Ser Ser Val Val Pro Tyr Ser Pro Asn Glu
65                  70                  75                  80
Pro Glu Ala Gln Ala Gly Ile Ile Glu Lys His Val Leu Glu Thr Leu
                85                  90                  95
Arg Lys Phe Ser Thr Glu His Met Cys Lys Phe Leu Gly Ala Gly Val
            100                 105                 110
Thr Val Ile Leu Leu Arg Glu Ala Pro Asn Leu Cys Thr Arg Leu Trp
        115                 120                 125
Leu Asp Met Asp Ile Val Pro Ile Val Phe Asn Ile Lys Pro Phe His
    130                 135                 140
Thr Asp Ser Ile Thr Arg Pro Asn Val Arg His Arg Ile Ser Ser Thr
145                 150                 155                 160
Thr Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu Thr Pro Thr Val Tyr Tyr
                165                 170                 175
Asp Pro Ala Gln Leu Gln Asp Pro Asn Lys Leu Ser Ala Asn Val Gln
            180                 185                 190
Thr Arg Leu Pro Ile Pro Arg Thr Val Asp Glu Gln Ala Asp Ser Ala
        195                 200                 205
Ala Arg Lys Cys Ile Met Tyr Phe Gly Pro Gly Asn Asn Pro Arg Leu
    210                 215                 220
Gln Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala Gly Gly Lys Ile
225                 230                 235                 240
His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr Val Gly Lys Gly
                245                 250                 255
Thr Trp Asn Ser Val Ile Lys Leu Ala Asp Glu Leu Arg Glu Lys Lys
            260                 265                 270
Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly Gly Gly Val Ala
        275                 280                 285
Leu Met Arg His Ala Ile Ile Arg Phe Phe Thr Ala Leu Asp Val Asp
    290                 295                 300
Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val Phe Arg Thr Thr
305                 310                 315                 320
Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Asp Pro Ser Leu Arg
                325                 330                 335
Leu Thr Lys Glu Ala Ala Asp Asn Phe Asp Ser Trp Ile Leu Lys Asn
            340                 345                 350
Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala Pro Gly Gly Val
        355                 360                 365
Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Val Gly Leu Ile Pro Leu
    370                 375                 380
Ile Lys Arg Ile Arg Pro Asp Leu Pro Ile Ile Tyr Arg Ser His Ile
385                 390                 395                 400
Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Val Lys Gly Ser Pro Gln Glu Glu
                405                 410                 415
Val Trp Asn Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln His Ser Asp Leu Phe Ile
            420                 425                 430
Ser His Pro Val Asn Lys Phe Val Pro Ser Asp Val Pro Leu Glu Lys
        435                 440                 445
Leu Ala Leu Leu Gly Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp Gly Leu Ser Lys
    450                 455                 460
His Leu Asp Ala Trp Asp Ser Gln Tyr Tyr Met Gly Glu Phe Arg Asn
```

```
465                 470                 475                 480
Leu Cys Val Lys Glu Lys Met Asn Glu Leu Gly Trp Pro Ala Arg Glu
                485                 490                 495
Tyr Ile Val Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ser Lys Gly Ile Pro Asn
            500                 505                 510
Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Lys Leu Cys Val Asp Lys Val
        515                 520                 525
Met Glu Asp Asp Ile Pro Gln Leu Leu Leu Cys Gly His Gly Ala Val
    530                 535                 540
Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp Gln Val Leu Gln Leu Ile
545                 550                 555                 560
His Ala Lys Tyr Lys Glu Tyr Ala Pro Asp Ile Val Val Met Arg Cys
                565                 570                 575
Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asn Thr Leu Met Ala Asn Ala Lys Phe
            580                 585                 590
Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe Glu Val Lys Val Ser Glu
        595                 600                 605
Ala Leu His Ala Gly Lys Pro Val Ile Ala Cys Arg Thr Gly Gly Ile
    610                 615                 620
Pro Leu Gln Ile Glu His Gly Lys Ser Gly Tyr Leu Cys Glu Pro Gly
625                 630                 635                 640
Asp Asn Ala Ala Val Ala Gln His Met Leu Asp Leu Tyr Thr Asp Glu
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Asp Thr Met Ser Glu Tyr Ala Arg Thr His Val Ser Asp
            660                 665                 670
Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala Trp Met Tyr Leu Ala Val
        675                 680                 685
Met Tyr Val Ser Arg Gly Val Lys Leu Arg Pro His Gly Ala Trp Ile
    690                 695                 700
Asn Asp Leu Met Arg Thr Glu Met Gly Glu Pro Tyr Arg Pro Gly Glu
705                 710                 715                 720
Pro Arg Leu Pro Arg Gly Glu Leu His Val Gln Gly
                725                 730
```

<210> 167
<211> 732
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> SEQ ID NO: 167

<400> 167

```
Met Ala Pro Pro His Gln Phe Gln Ser Lys Pro Ser Asp Val Ile Arg
1               5                   10                  15
Arg Arg Leu Ser Ser Ala Val Ser Ser Lys Arg Pro Asn Ile Pro Gly
            20                  25                  30
Tyr Thr Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly Ile Ala Gly Ala Val Val
        35                  40                  45
Asn Asn Asn Thr Gln Phe Glu Val Ala Ile Ser Ile His Asp Ser Val
    50                  55                  60
Tyr Asn Thr Asp Phe Ala Ser Ser Val Val Pro Tyr Ser Pro Asn Glu
65                  70                  75                  80
```

```
Pro Glu Ala Gln Ala Gly Ile Ile Glu Lys His Val Leu Glu Thr Leu
                85                  90                  95
Arg Lys Phe Ser Thr Glu His Met Cys Lys Phe Leu Gly Ala Gly Val
            100                 105                 110
Thr Val Ile Leu Leu Arg Glu Ala Pro Asn Leu Cys Thr Arg Leu Trp
        115                 120                 125
Leu Asp Met Asp Ile Val Pro Ile Val Phe Asn Ile Lys Pro Phe His
    130                 135                 140
Thr Asp Ser Ile Thr Arg Pro Asn Val Arg His Arg Ile Ser Ser Thr
145                 150                 155                 160
Thr Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu Thr Pro Thr Val Tyr Tyr
                165                 170                 175
Asp Pro Ala Gln Leu Gln Asp Pro Asn Lys Leu Ser Ala Asn Val Gln
            180                 185                 190
Thr Arg Leu Pro Ile Pro Arg Thr Val Asp Glu Gln Ala Asp Ser Ala
        195                 200                 205
Ala Arg Lys Cys Ile Met Tyr Phe Gly Pro Gly Asn Asn Pro Arg Leu
    210                 215                 220
Gln Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala Gly Gly Lys Ile
225                 230                 235                 240
His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr Val Gly Lys Gly
                245                 250                 255
Thr Trp Asn Ser Val Ile Lys Leu Ala Asp Glu Leu Arg Glu Lys Lys
            260                 265                 270
Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly Gly Gly Val Ala
        275                 280                 285
Leu Met Arg His Ala Ile Ile Arg Phe Phe Thr Ala Leu Asp Val Asp
    290                 295                 300
Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val Phe Arg Thr Thr
305                 310                 315                 320
Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Asp Pro Ser Leu Arg
                325                 330                 335
Leu Thr Lys Glu Ala Ala Asp Asn Phe Asp Ser Trp Ile Leu Lys Asn
            340                 345                 350
Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala Pro Gly Gly Val
        355                 360                 365
Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Pro Gly Leu Ile Pro Leu
    370                 375                 380
Ile Lys Arg Ile Arg Pro Asp Leu Pro Ile Ile Tyr Arg Ser His Ile
385                 390                 395                 400
Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Val Lys Gly Ser Pro Gln Glu Glu
                405                 410                 415
Val Trp Asn Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln His Ser Asp Leu Phe Ile
            420                 425                 430
Ser His Pro Val Asn Lys Phe Val Pro Ser Asp Val Pro Leu Glu Lys
        435                 440                 445
Leu Ala Leu Leu Gly Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp Gly Leu Ser Lys
    450                 455                 460
His Leu Asp Ala Trp Asp Ser Gln Tyr Tyr Met Gly Glu Phe Arg Asn
465                 470                 475                 480
Leu Cys Val Lys Glu Lys Met Asn Glu Leu Gly Trp Pro Ala Arg Glu
                485                 490                 495
Tyr Ile Val Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ser Lys Gly Ile Pro Asn
            500                 505                 510
```

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

<210> 168
<211> 732
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> SEQ ID NO: 168

<400> 168

```
Met Ala Pro Pro His Gln Phe Gln Ser Lys Pro Ser Asp Val Ile Arg
1               5                   10                  15
Arg Arg Leu Ser Ser Ala Val Ser Ser Lys Arg Pro Asn Ile Pro Gly
            20                  25                  30
Tyr Thr Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly Ile Ala Gly Ala Val Val
        35                  40                  45
Asn Asn Asn Thr Gln Phe Glu Val Ala Ile Ser Ile His Asp Ser Val
    50                  55                  60
Tyr Asn Thr Asp Phe Ala Ser Ser Val Val Pro Tyr Ser Pro Asn Glu
65                  70                  75                  80
Pro Glu Ala Gln Ala Gly Ile Ile Glu Lys His Val Leu Glu Thr Leu
                85                  90                  95
Arg Lys Phe Ser Thr Glu His Met Cys Lys Phe Leu Gly Ala Gly Val
            100                 105                 110
Thr Val Ile Leu Leu Arg Glu Ala Pro Asn Leu Cys Thr Arg Leu Trp
```

```
        115                 120                 125
Leu Asp Met Asp Ile Val Pro Ile Val Phe Asn Ile Lys Pro Phe His
    130                 135                 140
Thr Asp Ser Ile Thr Arg Pro Asn Val Arg His Arg Ile Ser Ser Thr
145                 150                 155                 160
Thr Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu Thr Pro Thr Val Tyr Tyr
                165                 170                 175
Asp Pro Ala Gln Leu Gln Asp Pro Asn Lys Leu Ser Ala Asn Val Gln
            180                 185                 190
Thr Arg Leu Pro Ile Pro Arg Thr Val Asp Glu Gln Ala Asp Ser Ala
        195                 200                 205
Ala Arg Lys Cys Ile Met Tyr Phe Gly Pro Gly Asn Asn Pro Arg Leu
    210                 215                 220
Gln Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala Gly Gly Lys Ile
225                 230                 235                 240
His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr Val Gly Lys Gly
                245                 250                 255
Thr Trp Asn Ser Val Ile Lys Leu Ala Asp Glu Leu Arg Glu Lys Lys
            260                 265                 270
Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly Gly Gly Val Ala
        275                 280                 285
Leu Met Arg His Ala Ile Ile Arg Phe Phe Thr Ala Leu Asp Val Asp
    290                 295                 300
Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val Phe Arg Thr Thr
305                 310                 315                 320
Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Asp Pro Ser Leu Arg
                325                 330                 335
Leu Thr Lys Glu Ala Ala Asp Asn Phe Asp Ser Trp Ile Leu Lys Asn
            340                 345                 350
Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala Pro Gly Gly Val
        355                 360                 365
Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Pro Gly Leu Ile Pro Leu
    370                 375                 380
Ile Lys Arg Ile Arg Pro Asp Leu Pro Ile Ile Tyr Arg Ser His Ile
385                 390                 395                 400
Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Val Lys Gly Ser Pro Gln Glu Glu
                405                 410                 415
Val Trp Asn Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln His Ser Asp Leu Phe Ile
            420                 425                 430
Ser His Pro Val Asn Lys Phe Val Pro Ser Asp Val Pro Leu Glu Lys
        435                 440                 445
Leu Ala Leu Leu Gly Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp Gly Leu Ser Lys
    450                 455                 460
His Leu Asp Ala Trp Asp Ser Gln Tyr Tyr Met Gly Glu Phe Arg Asn
465                 470                 475                 480
Leu Cys Val Lys Glu Lys Met Asn Glu Leu Gly Trp Pro Ala Arg Glu
                485                 490                 495
Tyr Ile Val Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ser Lys Gly Ile Pro Asn
            500                 505                 510
Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Lys Leu Cys Val Asp Lys Val
        515                 520                 525
Met Glu Asp Asp Ile Pro Gln Leu Leu Leu Cys Gly His Gly Ala Val
    530                 535                 540
Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp Gln Val Leu Glu Leu Ile
```

```
545                 550                 555                 560
His Ala Lys Tyr Lys Glu Tyr Ala Pro Asp Ile Val Val Met Arg Cys
                565                 570                 575
Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asn Thr Leu Met Ala Asn Ala Lys Phe
            580                 585                 590
Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe Glu Val Lys Val Ser Glu
        595                 600                 605
Ala Leu His Ala Gly Lys Pro Val Ile Ala Cys Arg Thr Gly Gly Ile
    610                 615                 620
Pro Leu Gln Ile Glu His Gly Lys Ser Gly Tyr Leu Cys Glu Pro Gly
625                 630                 635                 640
Asp Asn Ala Ala Val Ala Gln His Met Leu Asp Leu Tyr Thr Asp Glu
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Asp Thr Met Ser Glu Tyr Ala Arg Thr His Val Ser Asp
            660                 665                 670
Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala Trp Met Tyr Leu Ala Val
        675                 680                 685
Met Tyr Val Ser Arg Gly Val Lys Leu Arg Pro His Gly Ala Trp Ile
    690                 695                 700
Asn Asp Leu Met Arg Thr Glu Met Gly Glu Pro Tyr Arg Pro Gly Glu
705                 710                 715                 720
Pro Arg Leu Pro Arg Gly Glu Leu His Val Gln Gly
                725                 730
```

<210> 169
<211> 732
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> SEQ ID NO: 169

<400> 169

```
Met Ala Pro Pro His Gln Phe Gln Ser Lys Pro Ser Asp Val Ile Arg
1               5                   10                  15
Arg Arg Leu Ser Ser Ala Val Ser Ser Lys Arg Pro Asn Ile Pro Gly
            20                  25                  30
Tyr Thr Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly Ile Ala Gly Ala Val Val
        35                  40                  45
Asn Asn Asn Thr Gln Phe Glu Val Ala Ile Ser Ile His Asp Ser Val
    50                  55                  60
Tyr Asn Thr Asp Phe Ala Ser Ser Val Val Pro Tyr Ser Pro Asn Glu
65                  70                  75                  80
Pro Glu Ala Gln Ala Gly Ile Ile Glu Lys His Val Leu Glu Thr Leu
                85                  90                  95
Arg Lys Phe Ser Thr Glu His Met Cys Lys Phe Leu Gly Ala Gly Val
            100                 105                 110
Thr Val Ile Leu Leu Arg Glu Ala Pro Asn Leu Cys Thr Arg Leu Trp
        115                 120                 125
Leu Asp Met Asp Ile Val Pro Ile Val Phe Asn Ile Lys Pro Phe His
    130                 135                 140
Thr Asp Ser Ile Thr Arg Pro Asn Val Arg His Arg Ile Ser Ser Thr
145                 150                 155                 160
```

```
Thr Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu Thr Pro Thr Val Tyr Tyr
                165                 170                 175
Asp Pro Ala Gln Leu Gln Asp Pro Asn Lys Leu Ser Ala Asn Val Gln
            180                 185                 190
Thr Arg Leu Pro Ile Pro Arg Thr Val Asp Glu Gln Ala Asp Ser Ala
        195                 200                 205
Ala Arg Lys Cys Ile Met Tyr Phe Gly Pro Gly Asn Asn Pro Arg Leu
    210                 215                 220
Gln Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala Gly Gly Lys Ile
225                 230                 235                 240
His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr Val Gly Lys Gly
                245                 250                 255
Thr Trp Asn Ser Val Ile Lys Leu Ala Asp Glu Leu Arg Glu Lys Lys
            260                 265                 270
Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly Gly Gly Val Ala
        275                 280                 285
Leu Met Arg His Ala Ile Ile Arg Phe Phe Thr Ala Leu Asp Val Asp
    290                 295                 300
Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val Phe Arg Thr Thr
305                 310                 315                 320
Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Asp Pro Ser Leu Arg
                325                 330                 335
Leu Thr Lys Glu Ala Ala Asp Asn Phe Asp Ser Trp Ile Leu Lys Asn
            340                 345                 350
Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala Pro Gly Gly Val
        355                 360                 365
Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Pro Gly Leu Ile Pro Leu
    370                 375                 380
Ile Lys Arg Ile Arg Pro Asp Leu Pro Ile Ile Tyr Arg Ser His Ile
385                 390                 395                 400
Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Val Lys Gly Ser Pro Gln Glu Glu
                405                 410                 415
Val Trp Asn Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln His Ser Asp Leu Phe Ile
            420                 425                 430
Ser His Pro Val Asn Lys Phe Val Pro Ser Asp Val Pro Leu Glu Lys
        435                 440                 445
Leu Ala Leu Leu Gly Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp Gly Leu Ser Lys
    450                 455                 460
His Leu Asp Ala Trp Asp Ser Gln Tyr Tyr Met Gly Glu Phe Arg Asn
465                 470                 475                 480
Leu Cys Val Lys Glu Lys Met Asn Glu Leu Gly Trp Pro Ala Arg Glu
                485                 490                 495
Tyr Ile Val Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ser Lys Gly Ile Pro Asn
            500                 505                 510
Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Lys Leu Cys Val Asp Lys Val
        515                 520                 525
Met Glu Asp Asp Ile Pro Gln Leu Leu Leu Cys Gly His Gly Ala Val
    530                 535                 540
Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp Gln Val Leu Gln Leu Ile
545                 550                 555                 560
His Ala Lys Tyr Lys Glu Tyr Ala Pro Asp Ile Val Val Met Arg Cys
                565                 570                 575
Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asn Thr Leu Met Ala Asn Ala Lys Phe
            580                 585                 590
```

Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe Glu Val Lys Val Ser Glu
595 600 605
Ala Leu His Ala Gly Lys Pro Val Ile Ala Cys Arg Thr Gly Gly Ile
610 615 620
Pro Leu Gln Ile Glu His Gly Lys Ser Gly Tyr Leu Cys Glu Pro Gly
625 630 635 640
Asp Asn Glu Ala Val Ala Gln His Met Leu Asp Leu Tyr Thr Asp Glu
645 650 655
Asp Leu Tyr Asp Thr Met Ser Glu Tyr Ala Arg Thr His Val Ser Asp
660 665 670
Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala Trp Met Tyr Leu Ala Val
675 680 685
Met Tyr Val Ser Arg Gly Val Lys Leu Arg Pro His Gly Ala Trp Ile
690 695 700
Asn Asp Leu Met Arg Thr Glu Met Gly Glu Pro Tyr Arg Pro Gly Glu
705 710 715 720
Pro Arg Leu Pro Arg Gly Glu Leu His Val Gln Gly
725 730

<210> 170
<211> 732
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> SEQ ID NO: 170

<400> 170
Met Ala Pro Pro His Gln Phe Gln Ser Lys Pro Ser Asp Val Ile Arg
1 5 10 15
Arg Arg Leu Ser Ser Ala Val Ser Ser Lys Arg Pro Asn Ile Pro Gly
20 25 30
Tyr Thr Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly Ile Ala Gly Ala Val Val
35 40 45
Asn Asn Asn Thr Gln Phe Glu Val Ala Ile Ser Ile His Asp Ser Val
50 55 60
Tyr Asn Thr Asp Phe Ala Ser Ser Val Val Pro Tyr Ser Pro Asn Glu
65 70 75 80
Pro Glu Ala Gln Ala Gly Ile Ile Glu Lys His Val Leu Glu Thr Leu
85 90 95
Arg Lys Phe Ser Thr Glu His Met Cys Lys Phe Leu Gly Ala Gly Val
100 105 110
Thr Val Ile Leu Leu Arg Glu Ala Pro Asn Leu Cys Thr Arg Leu Trp
115 120 125
Leu Asp Met Asp Ile Val Pro Ile Val Phe Asn Ile Lys Pro Phe His
130 135 140
Thr Asp Ser Ile Thr Arg Pro Asn Val Arg His Arg Ile Ser Ser Thr
145 150 155 160
Thr Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu Thr Pro Thr Val Tyr Tyr
165 170 175
Asp Pro Ala Gln Leu Gln Asp Pro Asn Lys Leu Ser Ala Asn Val Gln
180 185 190
Thr Arg Leu Pro Ile Pro Arg Thr Val Asp Glu Gln Ala Asp Ser Ala

```
        195                 200                 205
Ala Arg Lys Cys Ile Met Tyr Phe Gly Pro Gly Asn Asn Pro Arg Leu
    210                 215                 220
Gln Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala Gly Gly Lys Ile
225                 230                 235                 240
His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr Val Gly Lys Gly
                245                 250                 255
Thr Trp Asn Ser Val Ile Lys Leu Ala Asp Glu Leu Arg Glu Lys Lys
            260                 265                 270
Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly Gly Gly Val Ala
        275                 280                 285
Leu Met Arg His Ala Ile Ile Arg Phe Phe Thr Ala Leu Asp Val Asp
    290                 295                 300
Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val Phe Arg Thr Thr
305                 310                 315                 320
Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Asp Pro Ser Leu Arg
                325                 330                 335
Leu Thr Lys Glu Ala Ala Asp Asn Phe Asp Ser Trp Ile Leu Lys Asn
            340                 345                 350
Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala Pro Gly Gly Val
        355                 360                 365
Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Pro Gly Leu Ile Pro Leu
    370                 375                 380
Ile Lys Arg Ile Arg Pro Asp Leu Pro Ile Ile Tyr Arg Ser His Ile
385                 390                 395                 400
Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Val Lys Gly Ser Pro Gln Glu Glu
                405                 410                 415
Val Trp Asn Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln His Ser Asp Leu Phe Ile
            420                 425                 430
Ser His Pro Val Asn Lys Phe Val Pro Ser Asp Val Pro Leu Glu Lys
        435                 440                 445
Leu Ala Leu Leu Gly Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp Gly Leu Ser Lys
    450                 455                 460
His Leu Asp Ala Trp Asp Ser Gln Tyr Tyr Met Gly Glu Phe Arg Asn
465                 470                 475                 480
Leu Cys Val Lys Glu Lys Met Asn Glu Leu Gly Trp Pro Ala Arg Glu
                485                 490                 495
Tyr Ile Val Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ser Lys Gly Ile Pro Asn
            500                 505                 510
Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Lys Leu Cys Val Asp Lys Val
        515                 520                 525
Met Glu Asp Asp Ile Pro Gln Leu Leu Leu Cys Gly His Gly Ala Val
    530                 535                 540
Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp Gln Val Leu Gln Leu Ile
545                 550                 555                 560
His Ala Lys Tyr Lys Glu Tyr Ala Pro Asp Ile Val Val Met Arg Cys
                565                 570                 575
Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asn Thr Leu Met Ala Asn Ala Lys Phe
            580                 585                 590
Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe Glu Val Lys Val Ser Glu
        595                 600                 605
Ala Leu His Ala Gly Lys Pro Val Ile Ala Cys Arg Thr Gly Gly Ile
    610                 615                 620
Pro Leu Gln Ile Glu His Gly Lys Ser Gly Tyr Leu Cys Glu Pro Gly
```

625 630 635 640
Asp Asn Ala Ala Val Ala Gln His Met Leu Asp Leu Tyr Thr Asp Glu
645 650 655
Asp Leu Tyr Asp Thr Met Ser Glu Tyr Ala Arg Thr His Val Ser Asp
660 665 670
Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala Trp Met Tyr Leu Ala Val
675 680 685
Met Tyr Val Ser Arg Gly Val Lys Leu Arg Pro His Gly Ala Trp Ile
690 695 700
Asn Asp Met Met Arg Thr Glu Met Gly Glu Pro Tyr Arg Pro Gly Glu
705 710 715 720
Pro Arg Leu Pro Arg Gly Glu Leu His Val Gln Gly
725 730

<210> 171
<211> 732
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> SEQ ID NO: 171

<400> 171
Met Ala Pro Pro His Gln Phe Gln Ser Lys Pro Ser Asp Val Ile Arg
1 5 10 15
Arg Arg Leu Ser Ser Ala Val Ser Ser Lys Arg Pro Asn Ile Pro Gly
20 25 30
Tyr Thr Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly Ile Ala Gly Ala Val Val
35 40 45
Asn Asn Asn Thr Gln Phe Glu Val Ala Ile Ser Ile His Asp Ser Val
50 55 60
Tyr Asn Thr Asp Phe Ala Ser Ser Val Val Pro Tyr Ser Pro Asn Glu
65 70 75 80
Pro Glu Ala Gln Ala Gly Ile Ile Glu Lys His Val Leu Glu Thr Leu
85 90 95
Arg Lys Phe Ser Thr Glu His Met Cys Lys Phe Ile Gly Ala Gly Val
100 105 110
Thr Val Ile Leu Leu Arg Glu Ala Pro Asn Leu Cys Thr Arg Leu Trp
115 120 125
Leu Asp Met Asp Ile Val Pro Ile Val Phe Asn Ile Lys Pro Phe His
130 135 140
Thr Asp Ser Ile Thr Arg Pro Asn Val Arg His Arg Ile Ser Ser Thr
145 150 155 160
Thr Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu Thr Pro Thr Val Tyr Tyr
165 170 175
Asp Pro Ala Gln Leu Gln Asp Pro Asn Lys Leu Ser Ala Asn Val Gln
180 185 190
Thr Arg Leu Pro Ile Pro Arg Thr Val Asp Glu Gln Ala Asp Ser Ala
195 200 205
Ala Arg Lys Cys Ile Met Tyr Phe Gly Pro Gly Asn Val Pro Arg Leu
210 215 220
Gln Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala Gly Gly Lys Ile
225 230 235 240

```
His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr Val Gly Lys Gly
                245                 250                 255
Thr Trp Asn Ser Val Ile Lys Leu Ala Asp Glu Leu Arg Glu Lys Lys
            260                 265                 270
Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly Gly Gly Val Ala
        275                 280                 285
Leu Met Arg His Ala Ile Ile Arg Phe Phe Thr Ala Leu Asp Val Asp
    290                 295                 300
Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val Phe Arg Thr Thr
305                 310                 315                 320
Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Asp Pro Ser Leu Arg
                325                 330                 335
Leu Thr Lys Glu Ala Ala Asp Asn Phe Asp Ser Trp Ile Leu Lys Asn
            340                 345                 350
Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala Pro Gly Gly Val
        355                 360                 365
Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Pro Gly Leu Ile Pro Leu
    370                 375                 380
Ile Lys Arg Ile Arg Pro Asp Leu Pro Ile Ile Tyr Arg Ser His Ile
385                 390                 395                 400
Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Val Lys Gly Ser Pro Gln Glu Glu
                405                 410                 415
Val Trp Asn Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln His Ser Asp Leu Phe Ile
            420                 425                 430
Ser His Pro Val Asn Lys Phe Val Pro Ser Asp Val Pro Leu Glu Lys
        435                 440                 445
Leu Ala Leu Leu Gly Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp Gly Leu Ser Lys
    450                 455                 460
His Leu Asp Ala Trp Asp Ser Gln Tyr Tyr Met Gly Glu Phe Arg Asn
465                 470                 475                 480
Leu Cys Val Lys Glu Lys Met Asn Glu Leu Gly Trp Pro Ala Arg Glu
                485                 490                 495
Tyr Ile Val Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ser Lys Gly Ile Pro Asn
            500                 505                 510
Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Lys Leu Cys Val Asp Lys Val
        515                 520                 525
Met Glu Asp Asp Ile Pro Gln Leu Leu Leu Cys Gly His Gly Ala Val
    530                 535                 540
Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp Gln Val Leu Gln Leu Ile
545                 550                 555                 560
His Ala Lys Tyr Lys Glu Tyr Ala Pro Asp Ile Val Val Met Arg Cys
                565                 570                 575
Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asn Thr Leu Met Ala Asn Ala Lys Phe
            580                 585                 590
Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe Glu Val Lys Val Ser Glu
        595                 600                 605
Ala Leu His Ala Gly Lys Pro Val Ile Ala Cys Arg Thr Gly Gly Ile
    610                 615                 620
Pro Leu Gln Ile Glu His Gly Lys Ser Gly Tyr Leu Cys Glu Pro Gly
625                 630                 635                 640
Asp Asn Ala Ala Val Ala Gln His Met Leu Asp Leu Tyr Thr Asp Glu
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Asp Thr Met Ser Glu Tyr Ala Arg Thr His Val Ser Asp
            660                 665                 670
```

```
Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala Trp Met Tyr Leu Ala Val
        675                 680                 685
Met Tyr Val Ser Arg Gly Val Lys Leu Arg Pro His Gly Ala Trp Ile
    690                 695                 700
Asn Asp Leu Met Arg Thr Glu Met Gly Glu Pro Tyr Arg Pro Gly Glu
705                 710                 715                 720
Pro Arg Leu Pro Arg Gly Glu Leu His Val Gln Gly
                725                 730
```

<210> 172
<211> 732
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> SEQ ID NO: 172

<400> 172

```
Met Ala Pro Pro His Gln Phe Gln Ser Lys Pro Ser Asp Val Ile Arg
1               5                  10                  15
Arg Arg Leu Ser Ser Ala Val Ser Ser Lys Arg Pro Asn Ile Pro Gly
            20                  25                  30
Tyr Thr Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly Ile Ala Gly Ala Val Val
        35                  40                  45
Asn Asn Asn Thr Gln Phe Glu Val Ala Ile Ser Ile His Asp Ser Val
    50                  55                  60
Tyr Asn Thr Asp Phe Ala Ser Ser Val Val Pro Tyr Ser Pro Asn Glu
65                  70                  75                  80
Pro Glu Ala Gln Ala Gly Ile Ile Glu Lys His Val Leu Glu Thr Leu
                85                  90                  95
Arg Lys Phe Ser Thr Glu His Met Cys Lys Phe Ile Gly Ala Gly Val
            100                 105                 110
Thr Val Ile Leu Leu Arg Glu Ala Pro Asn Leu Cys Thr Arg Leu Trp
        115                 120                 125
Leu Asp Met Asp Ile Val Pro Ile Val Phe Asn Ile Lys Pro Phe His
    130                 135                 140
Thr Asp Ser Ile Thr Arg Pro Asn Val Arg His Arg Ile Ser Ser Thr
145                 150                 155                 160
Thr Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu Thr Pro Thr Val Tyr Tyr
                165                 170                 175
Asp Pro Ala Gln Leu Gln Asp Pro Asn Lys Leu Ser Ala Asn Val Gln
            180                 185                 190
Thr Arg Leu Pro Ile Pro Arg Thr Val Asp Glu Gln Ala Asp Ser Ala
        195                 200                 205
Ala Arg Lys Cys Ile Met Tyr Phe Gly Pro Gly Asn Asn Pro Arg Leu
    210                 215                 220
Gln Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala Gly Gly Lys Ile
225                 230                 235                 240
His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr Val Gly Lys Gly
                245                 250                 255
Thr Trp Asn Ser Val Ile Lys Leu Ala Asp Glu Leu Arg Glu Lys Lys
            260                 265                 270
Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly Gly Gly Val Ala
```

```
        275                 280                 285
Leu Met Arg His Ala Ile Ile Arg Phe Phe Thr Ile Leu Asp Val Asp
    290                 295                 300
Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val Phe Arg Thr Thr
305                 310                 315                 320
Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Asp Pro Ser Leu Arg
                325                 330                 335
Leu Thr Lys Glu Ala Ala Asp Asn Phe Asp Ser Trp Ile Leu Lys Asn
            340                 345                 350
Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala Pro Gly Gly Val
        355                 360                 365
Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Pro Gly Leu Ile Pro Leu
    370                 375                 380
Ile Lys Arg Ile Arg Pro Asp Leu Pro Ile Ile Tyr Arg Ser His Ile
385                 390                 395                 400
Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Val Lys Gly Ser Pro Gln Glu Glu
                405                 410                 415
Val Trp Asn Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln His Ser Asp Leu Phe Ile
            420                 425                 430
Ser His Pro Val Asn Lys Phe Val Pro Ser Asp Val Pro Leu Glu Lys
        435                 440                 445
Leu Ala Leu Leu Gly Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp Gly Leu Ser Lys
    450                 455                 460
His Leu Asp Ala Trp Asp Ser Gln Tyr Tyr Met Gly Glu Phe Arg Asn
465                 470                 475                 480
Leu Cys Val Lys Glu Lys Met Asn Glu Leu Gly Trp Pro Ala Arg Glu
                485                 490                 495
Tyr Ile Val Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ser Lys Gly Ile Pro Asn
            500                 505                 510
Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Lys Leu Cys Val Asp Lys Val
        515                 520                 525
Met Glu Asp Asp Ile Pro Gln Leu Leu Leu Cys Gly His Gly Ala Val
    530                 535                 540
Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp Gln Val Leu Gln Leu Ile
545                 550                 555                 560
His Ala Lys Tyr Lys Glu Tyr Ala Pro Asp Ile Val Val Met Arg Cys
                565                 570                 575
Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asn Thr Leu Met Ala Asn Ala Lys Phe
            580                 585                 590
Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe Glu Val Lys Val Ser Glu
        595                 600                 605
Ala Leu His Ala Gly Lys Pro Val Ile Ala Cys Arg Thr Gly Gly Ile
    610                 615                 620
Pro Leu Gln Ile Glu His Gly Lys Ser Gly Tyr Leu Cys Glu Pro Gly
625                 630                 635                 640
Asp Asn Ala Ala Val Ala Gln His Met Leu Asp Leu Tyr Thr Asp Glu
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Asp Thr Met Ser Glu Tyr Ala Arg Thr His Val Ser Asp
            660                 665                 670
Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala Trp Met Tyr Leu Ala Val
        675                 680                 685
Met Tyr Val Ser Arg Gly Val Lys Leu Arg Pro His Gly Ala Trp Ile
    690                 695                 700
Asn Asp Leu Met Arg Thr Glu Met Gly Glu Pro Tyr Arg Pro Gly Glu
```

705 710 715 720
Pro Arg Leu Pro Arg Gly Glu Leu His Val Gln Gly
725 730

<210> 173
<211> 732
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> SEQ ID NO: 173

<400> 173
Met Ala Pro Pro His Gln Phe Gln Ser Lys Pro Ser Asp Val Ile Arg
1 5 10 15
Arg Arg Leu Ser Ser Ala Val Ser Ser Lys Arg Pro Asn Ile Pro Gly
20 25 30
Tyr Thr Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly Ile Ala Gly Ala Val Val
35 40 45
Asn Asn Asn Thr Gln Phe Glu Val Ala Ile Ser Ile His Asp Ser Val
50 55 60
Tyr Asn Thr Asp Phe Ala Ser Ser Val Val Pro Tyr Ser Pro Asn Glu
65 70 75 80
Pro Glu Ala Gln Ala Gly Ile Ile Glu Lys His Val Leu Glu Thr Leu
85 90 95
Arg Lys Phe Ser Thr Glu His Met Cys Lys Phe Ile Gly Ala Gly Val
100 105 110
Thr Val Ile Leu Leu Arg Glu Ala Pro Asn Leu Cys Thr Arg Leu Trp
115 120 125
Leu Asp Met Asp Ile Val Pro Ile Val Phe Asn Ile Lys Pro Phe His
130 135 140
Thr Asp Ser Ile Thr Arg Pro Asn Val Arg His Arg Ile Ser Ser Thr
145 150 155 160
Thr Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu Thr Pro Thr Val Tyr Tyr
165 170 175
Asp Pro Ala Gln Leu Gln Asp Pro Asn Lys Leu Ser Ala Asn Val Gln
180 185 190
Thr Arg Leu Pro Ile Pro Arg Thr Val Asp Glu Gln Ala Asp Ser Ala
195 200 205
Ala Arg Lys Cys Ile Met Tyr Phe Gly Pro Gly Asn Asn Pro Arg Leu
210 215 220
Gln Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala Gly Gly Lys Ile
225 230 235 240
His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr Val Gly Lys Gly
245 250 255
Thr Trp Asn Ser Val Ile Lys Leu Ala Asp Glu Leu Arg Glu Lys Lys
260 265 270
Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly Gly Gly Val Ala
275 280 285
Leu Met Arg His Ala Ile Ile Arg Phe Phe Thr Ala Leu Asp Val Asp
290 295 300
Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val Phe Arg Ile Thr
305 310 315 320

```
Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Asp Pro Ser Leu Arg
                325                 330                 335
Leu Thr Lys Glu Ala Ala Asp Asn Phe Asp Ser Trp Ile Leu Lys Asn
            340                 345                 350
Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala Pro Gly Gly Val
        355                 360                 365
Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Pro Gly Leu Ile Pro Leu
    370                 375                 380
Ile Lys Arg Ile Arg Pro Asp Leu Pro Ile Ile Tyr Arg Ser His Ile
385                 390                 395                 400
Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Val Lys Gly Ser Pro Gln Glu Glu
                405                 410                 415
Val Trp Asn Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln His Ser Asp Leu Phe Ile
            420                 425                 430
Ser His Pro Val Asn Lys Phe Val Pro Ser Asp Val Pro Leu Glu Lys
        435                 440                 445
Leu Ala Leu Leu Gly Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp Gly Leu Ser Lys
    450                 455                 460
His Leu Asp Ala Trp Asp Ser Gln Tyr Tyr Met Gly Glu Phe Arg Asn
465                 470                 475                 480
Leu Cys Val Lys Glu Lys Met Asn Glu Leu Gly Trp Pro Ala Arg Glu
                485                 490                 495
Tyr Ile Val Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ser Lys Gly Ile Pro Asn
            500                 505                 510
Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Lys Leu Cys Val Asp Lys Val
        515                 520                 525
Met Glu Asp Asp Ile Pro Gln Leu Leu Leu Cys Gly His Gly Ala Val
    530                 535                 540
Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp Gln Val Leu Gln Leu Ile
545                 550                 555                 560
His Ala Lys Tyr Lys Glu Tyr Ala Pro Asp Ile Val Val Met Arg Cys
                565                 570                 575
Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asn Thr Leu Met Ala Asn Ala Lys Phe
            580                 585                 590
Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe Glu Val Lys Val Ser Glu
        595                 600                 605
Ala Leu His Ala Gly Lys Pro Val Ile Ala Cys Arg Thr Gly Gly Ile
    610                 615                 620
Pro Leu Gln Ile Glu His Gly Lys Ser Gly Tyr Leu Cys Glu Pro Gly
625                 630                 635                 640
Asp Asn Ala Ala Val Ala Gln His Met Leu Asp Leu Tyr Thr Asp Glu
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Asp Thr Met Ser Glu Tyr Ala Arg Thr His Val Ser Asp
            660                 665                 670
Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala Trp Met Tyr Leu Ala Val
        675                 680                 685
Met Tyr Val Ser Arg Gly Val Lys Leu Arg Pro His Gly Ala Trp Ile
    690                 695                 700
Asn Asp Leu Met Arg Thr Glu Met Gly Glu Pro Tyr Arg Pro Gly Glu
705                 710                 715                 720
Pro Arg Leu Pro Arg Gly Glu Leu His Val Gln Gly
                725                 730
```

<210> 174

<211> 732
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> SEQ ID NO: 174

<400> 174
Met Ala Pro Pro His Gln Phe Gln Ser Lys Pro Ser Asp Val Ile Arg
1 5 10 15
Arg Arg Leu Ser Ser Ala Val Ser Ser Lys Arg Pro Asn Ile Pro Gly
20 25 30
Tyr Thr Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly Ile Ala Gly Ala Val Val
35 40 45
Asn Asn Asn Thr Gln Phe Glu Val Ala Ile Ser Ile His Asp Ser Val
50 55 60
Tyr Asn Thr Asp Phe Ala Ser Ser Val Val Pro Tyr Ser Pro Asn Glu
65 70 75 80
Pro Glu Ala Gln Ala Gly Ile Ile Glu Lys His Val Leu Glu Thr Leu
85 90 95
Arg Lys Phe Ser Thr Glu His Met Cys Lys Phe Ile Gly Ala Gly Val
100 105 110
Thr Val Ile Leu Leu Arg Glu Ala Pro Asn Leu Cys Thr Arg Leu Trp
115 120 125
Leu Asp Met Asp Ile Val Pro Ile Val Phe Asn Ile Lys Pro Phe His
130 135 140
Thr Asp Ser Ile Thr Arg Pro Asn Val Arg His Arg Ile Ser Ser Thr
145 150 155 160
Thr Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu Thr Pro Thr Val Tyr Tyr
165 170 175
Asp Pro Ala Gln Leu Gln Asp Pro Asn Lys Leu Ser Ala Asn Val Gln
180 185 190
Thr Arg Leu Pro Ile Pro Arg Thr Val Asp Glu Gln Ala Asp Ser Ala
195 200 205
Ala Arg Lys Cys Ile Met Tyr Phe Gly Pro Gly Asn Asn Pro Arg Leu
210 215 220
Gln Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala Gly Gly Lys Ile
225 230 235 240
His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr Val Gly Lys Gly
245 250 255
Thr Trp Asn Ser Val Ile Lys Leu Ala Asp Glu Leu Arg Glu Lys Lys
260 265 270
Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly Gly Gly Val Ala
275 280 285
Leu Met Arg His Ala Ile Ile Arg Phe Phe Thr Ala Leu Asp Val Asp
290 295 300
Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val Phe Arg Thr Thr
305 310 315 320
Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Asp Pro Ser Leu Arg
325 330 335
Leu Thr Lys Glu Ala Ala Asp Asn Phe Asp Ser Trp Ile Leu Lys Asn
340 345 350
Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala Pro Gly Gly Val

```
        355                 360                 365
Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Pro Gly Leu Ile Pro Leu
    370                 375                 380
Ile Lys Arg Ile Arg Pro Asp Leu Pro Ile Ile Tyr Arg Ser His Ile
385                 390                 395                 400
Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Val Lys Gly Ser Pro Gln Glu Glu
                405                 410                 415
Val Trp Asn Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln His Ser Asp Leu Phe Ile
            420                 425                 430
Ser His Pro Val Asn Lys Phe Val Pro Ser Asp Val Pro Leu Glu Lys
        435                 440                 445
Leu Ala Leu Leu Gly Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp Gly Leu Ser Lys
    450                 455                 460
His Leu Asp Ala Trp Asp Ser Gln Tyr Tyr Met Gly Glu Phe Arg Asn
465                 470                 475                 480
Leu Cys Ala Lys Glu Lys Met Asn Glu Leu Gly Trp Pro Ala Arg Glu
                485                 490                 495
Tyr Ile Val Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ser Lys Gly Ile Pro Asn
            500                 505                 510
Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Lys Leu Cys Val Asp Lys Val
        515                 520                 525
Met Glu Asp Asp Ile Pro Gln Leu Leu Leu Cys Gly His Gly Ala Val
    530                 535                 540
Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp Gln Val Leu Gln Leu Ile
545                 550                 555                 560
His Ala Lys Tyr Lys Glu Tyr Ala Pro Asp Ile Val Val Met Arg Cys
                565                 570                 575
Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asn Thr Leu Met Ala Asn Ala Lys Phe
            580                 585                 590
Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe Glu Val Lys Val Ser Glu
        595                 600                 605
Ala Leu His Ala Gly Lys Pro Val Ile Ala Cys Arg Thr Gly Gly Ile
    610                 615                 620
Pro Leu Gln Ile Glu His Gly Lys Ser Gly Tyr Leu Cys Glu Pro Gly
625                 630                 635                 640
Asp Asn Ala Ala Val Ala Gln His Met Leu Asp Leu Tyr Thr Asp Glu
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Asp Thr Met Ser Glu Tyr Ala Arg Thr His Val Ser Asp
            660                 665                 670
Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala Trp Met Tyr Leu Ala Val
        675                 680                 685
Met Tyr Val Ser Arg Gly Val Lys Leu Arg Pro His Gly Ala Trp Ile
    690                 695                 700
Asn Asp Leu Met Arg Thr Glu Met Gly Glu Pro Tyr Arg Pro Gly Glu
705                 710                 715                 720
Pro Arg Leu Pro Arg Gly Glu Leu His Val Gln Gly
                725                 730
```

<210> 175
<211> 732
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> SEQ ID NO: 175

<400> 175

```
Met Ala Pro Pro His Gln Phe Gln Ser Lys Pro Ser Asp Val Ile Arg
1               5                  10                  15
Arg Arg Leu Ser Ser Ala Val Ser Ser Lys Arg Pro Asn Ile Pro Gly
            20                  25                  30
Tyr Thr Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly Ile Ala Gly Ala Val Val
        35                  40                  45
Asn Asn Asn Thr Gln Phe Glu Val Ala Ile Ser Ile His Asp Ser Val
    50                  55                  60
Tyr Asn Thr Asp Phe Ala Ser Ser Val Val Pro Tyr Ser Pro Asn Glu
65                  70                  75                  80
Pro Glu Ala Gln Ala Gly Ile Ile Glu Lys His Val Leu Glu Thr Leu
                85                  90                  95
Arg Lys Phe Ser Thr Glu His Met Cys Lys Phe Ile Gly Ala Gly Val
            100                 105                 110
Thr Val Ile Leu Leu Arg Glu Ala Pro Asn Leu Cys Thr Arg Leu Trp
        115                 120                 125
Leu Asp Met Asp Ile Val Pro Ile Val Phe Asn Ile Lys Pro Phe His
    130                 135                 140
Thr Asp Ser Ile Thr Arg Pro Asn Val Arg His Arg Ile Ser Ser Thr
145                 150                 155                 160
Thr Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu Thr Pro Thr Val Tyr Tyr
                165                 170                 175
Asp Pro Ala Gln Leu Gln Asp Pro Asn Lys Leu Ser Ala Asn Val Gln
            180                 185                 190
Thr Arg Leu Pro Ile Pro Arg Thr Val Asp Glu Gln Ala Asp Ser Ala
        195                 200                 205
Ala Arg Lys Cys Ile Met Tyr Phe Gly Pro Gly Asn Asn Pro Arg Leu
    210                 215                 220
Gln Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala Gly Gly Lys Ile
225                 230                 235                 240
His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr Val Gly Lys Gly
                245                 250                 255
Thr Trp Asn Ser Val Ile Lys Leu Ala Asp Glu Leu Arg Glu Lys Lys
            260                 265                 270
Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly Gly Gly Val Ala
        275                 280                 285
Leu Met Arg His Ala Ile Ile Arg Phe Phe Thr Ala Leu Asp Val Asp
    290                 295                 300
Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val Phe Arg Thr Thr
305                 310                 315                 320
Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Asp Pro Ser Leu Arg
                325                 330                 335
Leu Thr Lys Glu Ala Ala Asp Asn Phe Asp Ser Trp Ile Leu Lys Asn
            340                 345                 350
Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala Pro Gly Gly Val
        355                 360                 365
Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Pro Gly Leu Ile Pro Leu
    370                 375                 380
Ile Lys Arg Ile Arg Pro Asp Leu Pro Ile Ile Tyr Arg Ser His Ile
385                 390                 395                 400
```

```
Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Val Lys Gly Ser Pro Gln Glu Glu
                405                 410                 415
Val Trp Asn Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln His Ser Asp Leu Phe Ile
            420                 425                 430
Ser His Pro Val Asn Lys Phe Val Pro Ser Asp Val Pro Leu Glu Lys
        435                 440                 445
Leu Ala Leu Leu Gly Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp Gly Leu Ser Lys
    450                 455                 460
His Leu Asp Ala Trp Asp Ser Gln Tyr Tyr Met Gly Glu Phe Arg Asn
465                 470                 475                 480
Leu Cys Val Lys Glu Lys Met Asn Glu Leu Gly Trp Pro Ala Arg Glu
                485                 490                 495
Tyr Ile Val Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ser Lys Gly Ile Pro Asn
            500                 505                 510
Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Lys Leu Cys Val Asp Lys Val
        515                 520                 525
Met Glu Asp Asp Ile Pro Gln Leu Leu Leu Cys Gly His Gly Ala Val
    530                 535                 540
Asp Asp Pro Asp Ala Thr Ile Ile Tyr Asp Gln Val Leu Gln Leu Ile
545                 550                 555                 560
His Ala Lys Tyr Lys Glu Tyr Ala Pro Asp Ile Val Val Met Arg Cys
                565                 570                 575
Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asn Thr Leu Met Ala Asn Ala Lys Phe
            580                 585                 590
Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe Glu Val Lys Val Ser Glu
        595                 600                 605
Ala Leu His Ala Gly Lys Pro Val Ile Ala Cys Arg Thr Gly Gly Ile
    610                 615                 620
Pro Leu Gln Ile Glu His Gly Lys Ser Gly Tyr Leu Cys Glu Pro Gly
625                 630                 635                 640
Asp Asn Ala Ala Val Ala Gln His Met Leu Asp Leu Tyr Thr Asp Glu
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Asp Thr Met Ser Glu Tyr Ala Arg Thr His Val Ser Asp
            660                 665                 670
Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala Trp Met Tyr Leu Ala Val
        675                 680                 685
Met Tyr Val Ser Arg Gly Val Lys Leu Arg Pro His Gly Ala Trp Ile
    690                 695                 700
Asn Asp Leu Met Arg Thr Glu Met Gly Glu Pro Tyr Arg Pro Gly Glu
705                 710                 715                 720
Pro Arg Leu Pro Arg Gly Glu Leu His Val Gln Gly
                725                 730
```

<210> 176
<211> 732
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> SEQ ID NO: 176

<400> 176
Met Ala Pro Pro His Gln Phe Gln Ser Lys Pro Ser Asp Val Ile Arg

```
1               5                   10                  15
Arg Arg Leu Ser Ser Ala Val Ser Ser Lys Arg Pro Asn Ile Pro Gly
            20                  25                  30
Tyr Thr Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly Ile Ala Gly Ala Val Val
        35                  40                  45
Asn Asn Asn Thr Gln Phe Glu Val Ala Ile Ser Ile His Asp Ser Val
    50                  55                  60
Tyr Asn Thr Asp Phe Ala Ser Ser Val Val Pro Tyr Ser Pro Asn Glu
65                  70                  75                  80
Pro Glu Ala Gln Ala Gly Ile Ile Glu Lys His Val Leu Glu Thr Leu
                85                  90                  95
Arg Lys Phe Ser Thr Glu His Met Cys Lys Phe Ile Gly Ala Gly Val
            100                 105                 110
Thr Val Ile Leu Leu Arg Glu Ala Pro Asn Leu Cys Thr Arg Leu Trp
        115                 120                 125
Leu Asp Met Asp Ile Val Pro Ile Val Phe Asn Ile Lys Pro Phe His
    130                 135                 140
Thr Asp Ser Ile Thr Arg Pro Asn Val Arg His Arg Ile Ser Ser Thr
145                 150                 155                 160
Thr Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu Thr Pro Thr Val Tyr Tyr
                165                 170                 175
Asp Pro Ala Gln Leu Gln Asp Pro Asn Lys Leu Ser Ala Asn Val Gln
            180                 185                 190
Thr Arg Leu Pro Ile Pro Arg Thr Val Asp Glu Gln Ala Asp Ser Ala
        195                 200                 205
Ala Arg Lys Cys Ile Met Tyr Phe Gly Pro Gly Asn Asn Pro Arg Leu
    210                 215                 220
Gln Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala Gly Gly Lys Ile
225                 230                 235                 240
His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr Val Gly Lys Gly
                245                 250                 255
Thr Trp Asn Ser Val Ile Lys Leu Ala Asp Glu Leu Arg Glu Lys Lys
            260                 265                 270
Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly Gly Gly Val Ala
        275                 280                 285
Leu Met Arg His Ala Ile Ile Arg Phe Phe Thr Ala Leu Asp Val Asp
    290                 295                 300
Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val Phe Arg Thr Thr
305                 310                 315                 320
Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Asp Pro Ser Leu Arg
                325                 330                 335
Leu Thr Lys Glu Ala Ala Asp Asn Phe Asp Ser Trp Ile Leu Lys Asn
            340                 345                 350
Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala Pro Gly Gly Val
        355                 360                 365
Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Val Gly Leu Ile Pro Leu
    370                 375                 380
Ile Lys Arg Ile Arg Pro Asp Leu Pro Ile Ile Tyr Arg Ser His Ile
385                 390                 395                 400
Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Val Lys Gly Ser Pro Gln Glu Glu
                405                 410                 415
Val Trp Asn Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln His Ser Asp Leu Phe Ile
            420                 425                 430
Ser His Pro Val Asn Lys Phe Val Pro Ser Asp Val Pro Leu Glu Lys
```

```
        435                 440                 445
Leu Ala Leu Leu Gly Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp Gly Leu Ser Lys
    450                 455                 460
His Leu Asp Ala Trp Asp Ser Gln Tyr Tyr Met Gly Glu Phe Arg Asn
465                 470                 475                 480
Leu Cys Val Lys Glu Lys Met Asn Glu Leu Gly Trp Pro Ala Arg Glu
                485                 490                 495
Tyr Ile Val Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ser Lys Gly Ile Pro Asn
            500                 505                 510
Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Lys Leu Cys Val Asp Lys Val
        515                 520                 525
Met Glu Asp Asp Ile Pro Gln Leu Leu Leu Cys Gly His Gly Ala Val
    530                 535                 540
Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp Gln Val Leu Gln Leu Ile
545                 550                 555                 560
His Ala Lys Tyr Lys Glu Tyr Ala Pro Asp Ile Val Val Met Arg Cys
                565                 570                 575
Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asn Thr Leu Met Ala Asn Ala Lys Phe
            580                 585                 590
Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe Glu Val Lys Val Ser Glu
        595                 600                 605
Ala Leu His Ala Gly Lys Pro Val Ile Ala Cys Arg Thr Gly Gly Ile
    610                 615                 620
Pro Leu Gln Ile Glu His Gly Lys Ser Gly Tyr Leu Cys Glu Pro Gly
625                 630                 635                 640
Asp Asn Ala Ala Val Ala Gln His Met Leu Asp Leu Tyr Thr Asp Glu
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Asp Thr Met Ser Glu Tyr Ala Arg Thr His Val Ser Asp
            660                 665                 670
Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala Trp Met Tyr Leu Ala Val
        675                 680                 685
Met Tyr Val Ser Arg Gly Val Lys Leu Arg Pro His Gly Ala Trp Ile
    690                 695                 700
Asn Asp Leu Met Arg Thr Glu Met Gly Glu Pro Tyr Arg Pro Gly Glu
705                 710                 715                 720
Pro Arg Leu Pro Arg Gly Glu Leu His Val Gln Gly
                725                 730
```

<210> 177
<211> 732
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> SEQ ID NO: 177

<400> 177

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

```
Asn Asn Asn Thr Gln Phe Glu Val Ala Ile Ser Ile His Asp Ser Val
    50                  55                  60
Tyr Asn Thr Asp Phe Ala Ser Ser Val Val Pro Tyr Ser Pro Asn Glu
65                  70                  75                  80
Pro Glu Ala Gln Ala Gly Ile Ile Glu Lys His Val Leu Glu Thr Leu
                85                  90                  95
Arg Lys Phe Ser Thr Glu His Met Cys Lys Phe Leu Gly Ala Gly Ile
            100                 105                 110
Thr Val Ile Leu Leu Arg Glu Ala Pro Asn Leu Cys Thr Arg Leu Trp
        115                 120                 125
Leu Asp Met Asp Ile Val Pro Ile Val Phe Asn Ile Lys Pro Phe His
    130                 135                 140
Thr Asp Ser Ile Thr Arg Pro Asn Val Arg His Arg Ile Ser Ser Thr
145                 150                 155                 160
Thr Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu Thr Pro Thr Val Tyr Tyr
                165                 170                 175
Asp Pro Ala Gln Leu Gln Asp Pro Asn Lys Leu Ser Ala Asn Val Gln
            180                 185                 190
Thr Arg Leu Pro Ile Pro Arg Thr Val Asp Glu Gln Ala Asp Ser Ala
        195                 200                 205
Ala Arg Lys Cys Ile Met Tyr Phe Gly Pro Gly Asn Asn Pro Arg Leu
    210                 215                 220
Gln Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala Gly Gly Lys Ile
225                 230                 235                 240
His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr Val Gly Lys Gly
                245                 250                 255
Thr Trp Asn Ser Val Ile Lys Leu Ala Asp Glu Leu Arg Glu Lys Lys
            260                 265                 270
Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly Gly Gly Val Ala
        275                 280                 285
Leu Met Arg His Ala Ile Ile Arg Phe Phe Thr Ala Leu Asp Val Asp
    290                 295                 300
Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val Phe Arg Thr Thr
305                 310                 315                 320
Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Asp Pro Ser Leu Arg
                325                 330                 335
Leu Thr Lys Glu Ala Ala Asp Asn Phe Asp Ser Trp Ile Leu Lys Asn
            340                 345                 350
Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala Pro Gly Gly Val
        355                 360                 365
Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Val Gly Leu Ile Pro Leu
    370                 375                 380
Ile Lys Arg Ile Arg Pro Asp Leu Pro Ile Ile Tyr Arg Ser His Ile
385                 390                 395                 400
Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Val Lys Gly Ser Pro Gln Glu Glu
                405                 410                 415
Val Trp Asn Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln His Ser Asp Leu Phe Ile
            420                 425                 430
Ser His Pro Val Asn Lys Phe Val Pro Ser Asp Val Pro Leu Glu Lys
        435                 440                 445
Leu Ala Leu Leu Gly Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp Gly Leu Ser Lys
    450                 455                 460
His Leu Asp Ala Trp Asp Ser Gln Tyr Tyr Met Gly Glu Phe Arg Asn
465                 470                 475                 480
```

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

<210> 178
<211> 732
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> SEQ ID NO: 178

<400> 178

```
Met Ala Pro Pro His Gln Phe Gln Ser Lys Pro Ser Asp Val Ile Arg
1               5                   10                  15
Arg Arg Leu Ser Ser Ala Val Ser Ser Lys Arg Pro Asn Ile Pro Gly
            20                  25                  30
Tyr Thr Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly Ile Ala Gly Ala Val Val
        35                  40                  45
Asn Asn Asn Thr Gln Phe Glu Val Ala Ile Ser Ile His Asp Ser Val
    50                  55                  60
Tyr Asn Thr Asp Phe Ala Ser Ser Val Val Pro Tyr Ser Pro Asn Glu
65                  70                  75                  80
Pro Glu Ala Gln Ala Gly Ile Ile Glu Lys His Val Leu Glu Thr Leu
```

```
                85                  90                  95
Arg Lys Phe Ser Thr Glu His Met Cys Lys Phe Leu Gly Ala Gly Val
            100                 105                 110
Thr Val Ile Leu Leu Arg Glu Ala Pro Asn Leu Cys Thr Arg Leu Trp
        115                 120                 125
Leu Asp Met Asp Ile Val Pro Ile Val Phe Asn Ile Lys Pro Phe His
    130                 135                 140
Thr Asp Ser Ile Thr Arg Pro Asn Val Arg His Arg Ile Ser Ser Thr
145                 150                 155                 160
Thr Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu Thr Pro Thr Val Tyr Tyr
                165                 170                 175
Asp Pro Ala Gln Leu Gln Asp Pro Asn Lys Leu Ser Ala Asn Val Gln
            180                 185                 190
Thr Arg Leu Pro Ile Pro Arg Thr Val Asp Glu Gln Ala Asp Ser Ala
        195                 200                 205
Ala Arg Lys Cys Ile Met Tyr Phe Gly Pro Gly Asn Val Pro Arg Leu
    210                 215                 220
Gln Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala Gly Gly Lys Ile
225                 230                 235                 240
His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr Val Gly Lys Gly
                245                 250                 255
Thr Trp Asn Ser Val Ile Lys Leu Ala Asp Glu Leu Arg Glu Lys Lys
            260                 265                 270
Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly Gly Gly Val Ala
        275                 280                 285
Leu Met Arg His Ala Ile Ile Arg Phe Phe Thr Ala Leu Asp Val Asp
    290                 295                 300
Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val Phe Arg Thr Thr
305                 310                 315                 320
Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Asp Pro Ser Leu Arg
                325                 330                 335
Leu Thr Lys Glu Ala Ala Asp Asn Phe Asp Ser Trp Ile Leu Lys Asn
            340                 345                 350
Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala Pro Gly Gly Val
        355                 360                 365
Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Val Gly Leu Ile Pro Leu
    370                 375                 380
Ile Lys Arg Ile Arg Pro Asp Leu Pro Ile Ile Tyr Arg Ser His Ile
385                 390                 395                 400
Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Val Lys Gly Ser Pro Gln Glu Glu
                405                 410                 415
Val Trp Asn Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln His Ser Asp Leu Phe Ile
            420                 425                 430
Ser His Pro Val Asn Lys Phe Val Pro Ser Asp Val Pro Leu Glu Lys
        435                 440                 445
Leu Ala Leu Leu Gly Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp Gly Leu Ser Lys
    450                 455                 460
His Leu Asp Ala Trp Asp Ser Gln Tyr Tyr Met Gly Glu Phe Arg Asn
465                 470                 475                 480
Leu Cys Val Lys Glu Lys Met Asn Glu Leu Gly Trp Pro Ala Arg Glu
                485                 490                 495
Tyr Ile Val Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ser Lys Gly Ile Pro Asn
            500                 505                 510
Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Lys Leu Cys Val Asp Lys Val
```

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

<210> 179
<211> 732
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> SEQ ID NO: 179

<400> 179

```
Met Ala Pro Pro His Gln Phe Gln Ser Lys Pro Ser Asp Val Ile Arg
1               5                  10                  15
Arg Arg Leu Ser Ser Ala Val Ser Ser Lys Arg Pro Asn Ile Pro Gly
            20                  25                  30
Tyr Thr Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly Ile Ala Gly Ala Val Val
        35                  40                  45
Asn Asn Asn Thr Gln Phe Glu Val Ala Ile Ser Ile His Asp Ser Val
    50                  55                  60
Tyr Asn Thr Asp Phe Ala Ser Ser Val Val Pro Tyr Ser Pro Asn Glu
65                  70                  75                  80
Pro Glu Ala Gln Ala Gly Ile Ile Glu Lys His Val Leu Glu Thr Leu
                85                  90                  95
Arg Lys Phe Ser Thr Glu His Met Cys Lys Phe Leu Gly Ala Gly Val
            100                 105                 110
Thr Val Ile Leu Leu Arg Glu Ala Pro Asn Leu Cys Thr Arg Leu Trp
        115                 120                 125
```

```
Leu Asp Met Asp Ile Val Pro Ile Val Phe Asn Ile Lys Pro Phe His
    130                 135                 140
Thr Asp Ser Ile Thr Arg Pro Asn Val Arg His Arg Ile Ser Ser Thr
145                 150                 155                 160
Thr Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu Thr Pro Thr Val Tyr Tyr
                165                 170                 175
Asp Pro Ala Gln Leu Gln Asp Pro Asn Lys Leu Ser Ala Asn Val Gln
            180                 185                 190
Thr Arg Leu Pro Ile Pro Arg Thr Val Asp Glu Gln Ala Asp Ser Ala
        195                 200                 205
Ala Arg Lys Cys Ile Met Tyr Phe Gly Pro Gly Asn Asn Pro Arg Leu
    210                 215                 220
Gln Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala Gly Gly Lys Ile
225                 230                 235                 240
His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr Val Gly Lys Gly
                245                 250                 255
Thr Trp Asn Ser Val Ile Lys Leu Ala Asp Glu Leu Arg Glu Lys Lys
            260                 265                 270
Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly Gly Gly Val Ala
        275                 280                 285
Leu Met Arg His Ala Ile Ile Arg Phe Phe Thr Ile Leu Asp Val Asp
    290                 295                 300
Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val Phe Arg Thr Thr
305                 310                 315                 320
Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Asp Pro Ser Leu Arg
                325                 330                 335
Leu Thr Lys Glu Ala Ala Asp Asn Phe Asp Ser Trp Ile Leu Lys Asn
            340                 345                 350
Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala Pro Gly Gly Val
        355                 360                 365
Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Val Gly Leu Ile Pro Leu
    370                 375                 380
Ile Lys Arg Ile Arg Pro Asp Leu Pro Ile Ile Tyr Arg Ser His Ile
385                 390                 395                 400
Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Val Lys Gly Ser Pro Gln Glu Glu
                405                 410                 415
Val Trp Asn Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln His Ser Asp Leu Phe Ile
            420                 425                 430
Ser His Pro Val Asn Lys Phe Val Pro Ser Asp Val Pro Leu Glu Lys
        435                 440                 445
Leu Ala Leu Leu Gly Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp Gly Leu Ser Lys
    450                 455                 460
His Leu Asp Ala Trp Asp Ser Gln Tyr Tyr Met Gly Glu Phe Arg Asn
465                 470                 475                 480
Leu Cys Val Lys Glu Lys Met Asn Glu Leu Gly Trp Pro Ala Arg Glu
                485                 490                 495
Tyr Ile Val Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ser Lys Gly Ile Pro Asn
            500                 505                 510
Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Lys Leu Cys Val Asp Lys Val
        515                 520                 525
Met Glu Asp Asp Ile Pro Gln Leu Leu Leu Cys Gly His Gly Ala Val
    530                 535                 540
Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp Gln Val Leu Gln Leu Ile
545                 550                 555                 560
```

```
His Ala Lys Tyr Lys Glu Tyr Ala Pro Asp Ile Val Val Met Arg Cys
                565                 570                 575
Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asn Thr Leu Met Ala Asn Ala Lys Phe
            580                 585                 590
Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe Glu Val Lys Val Ser Glu
        595                 600                 605
Ala Leu His Ala Gly Lys Pro Val Ile Ala Cys Arg Thr Gly Gly Ile
    610                 615                 620
Pro Leu Gln Ile Glu His Gly Lys Ser Gly Tyr Leu Cys Glu Pro Gly
625                 630                 635                 640
Asp Asn Ala Ala Val Ala Gln His Met Leu Asp Leu Tyr Thr Asp Glu
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Asp Thr Met Ser Glu Tyr Ala Arg Thr His Val Ser Asp
            660                 665                 670
Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala Trp Met Tyr Leu Ala Val
        675                 680                 685
Met Tyr Val Ser Arg Gly Val Lys Leu Arg Pro His Gly Ala Trp Ile
    690                 695                 700
Asn Asp Leu Met Arg Thr Glu Met Gly Glu Pro Tyr Arg Pro Gly Glu
705                 710                 715                 720
Pro Arg Leu Pro Arg Gly Glu Leu His Val Gln Gly
                725                 730
```

<210> 180
<211> 732
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> SEQ ID NO: 180

<400> 180

```
Met Ala Pro Pro His Gln Phe Gln Ser Lys Pro Ser Asp Val Ile Arg
1               5                   10                  15
Arg Arg Leu Ser Ser Ala Val Ser Ser Lys Arg Pro Asn Ile Pro Gly
            20                  25                  30
Tyr Thr Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly Ile Ala Gly Ala Val Val
        35                  40                  45
Asn Asn Asn Thr Gln Phe Glu Val Ala Ile Ser Ile His Asp Ser Val
    50                  55                  60
Tyr Asn Thr Asp Phe Ala Ser Ser Val Val Pro Tyr Ser Pro Asn Glu
65                  70                  75                  80
Pro Glu Ala Gln Ala Gly Ile Ile Glu Lys His Val Leu Glu Thr Leu
                85                  90                  95
Arg Lys Phe Ser Thr Glu His Met Cys Lys Phe Leu Gly Ala Gly Val
            100                 105                 110
Thr Val Ile Leu Leu Arg Glu Ala Pro Asn Leu Cys Thr Arg Leu Trp
        115                 120                 125
Leu Asp Met Asp Ile Val Pro Ile Val Phe Asn Ile Lys Pro Phe His
    130                 135                 140
Thr Asp Ser Ile Thr Arg Pro Asn Val Arg His Arg Ile Ser Ser Thr
145                 150                 155                 160
Thr Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu Thr Pro Thr Val Tyr Tyr
```

```
                165                 170                 175
Asp Pro Ala Gln Leu Gln Asp Pro Asn Lys Leu Ser Ala Asn Val Gln
            180                 185                 190
Thr Arg Leu Pro Ile Pro Arg Thr Val Asp Glu Gln Ala Asp Ser Ala
        195                 200                 205
Ala Arg Lys Cys Ile Met Tyr Phe Gly Pro Gly Asn Asn Pro Arg Leu
    210                 215                 220
Gln Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala Gly Gly Lys Ile
225                 230                 235                 240
His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr Val Gly Lys Gly
                245                 250                 255
Thr Trp Asn Ser Val Ile Lys Leu Ala Asp Glu Leu Arg Glu Lys Lys
            260                 265                 270
Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly Gly Gly Val Ala
        275                 280                 285
Leu Met Arg His Ala Ile Ile Arg Phe Phe Thr Ala Leu Asp Val Asp
    290                 295                 300
Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val Phe Arg Ile Thr
305                 310                 315                 320
Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Asp Pro Ser Leu Arg
                325                 330                 335
Leu Thr Lys Glu Ala Ala Asp Asn Phe Asp Ser Trp Ile Leu Lys Asn
            340                 345                 350
Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala Pro Gly Gly Val
        355                 360                 365
Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Val Gly Leu Ile Pro Leu
    370                 375                 380
Ile Lys Arg Ile Arg Pro Asp Leu Pro Ile Ile Tyr Arg Ser His Ile
385                 390                 395                 400
Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Val Lys Gly Ser Pro Gln Glu Glu
                405                 410                 415
Val Trp Asn Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln His Ser Asp Leu Phe Ile
            420                 425                 430
Ser His Pro Val Asn Lys Phe Val Pro Ser Asp Val Pro Leu Glu Lys
        435                 440                 445
Leu Ala Leu Leu Gly Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp Gly Leu Ser Lys
    450                 455                 460
His Leu Asp Ala Trp Asp Ser Gln Tyr Tyr Met Gly Glu Phe Arg Asn
465                 470                 475                 480
Leu Cys Val Lys Glu Lys Met Asn Glu Leu Gly Trp Pro Ala Arg Glu
                485                 490                 495
Tyr Ile Val Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ser Lys Gly Ile Pro Asn
            500                 505                 510
Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Lys Leu Cys Val Asp Lys Val
        515                 520                 525
Met Glu Asp Asp Ile Pro Gln Leu Leu Leu Cys Gly His Gly Ala Val
    530                 535                 540
Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp Gln Val Leu Gln Leu Ile
545                 550                 555                 560
His Ala Lys Tyr Lys Glu Tyr Ala Pro Asp Ile Val Val Met Arg Cys
                565                 570                 575
Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asn Thr Leu Met Ala Asn Ala Lys Phe
            580                 585                 590
Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe Glu Val Lys Val Ser Glu
```

595 600 605
Ala Leu His Ala Gly Lys Pro Val Ile Ala Cys Arg Thr Gly Gly Ile
610 615 620
Pro Leu Gln Ile Glu His Gly Lys Ser Gly Tyr Leu Cys Glu Pro Gly
625 630 635 640
Asp Asn Ala Ala Val Ala Gln His Met Leu Asp Leu Tyr Thr Asp Glu
645 650 655
Asp Leu Tyr Asp Thr Met Ser Glu Tyr Ala Arg Thr His Val Ser Asp
660 665 670
Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala Trp Met Tyr Leu Ala Val
675 680 685
Met Tyr Val Ser Arg Gly Val Lys Leu Arg Pro His Gly Ala Trp Ile
690 695 700
Asn Asp Leu Met Arg Thr Glu Met Gly Glu Pro Tyr Arg Pro Gly Glu
705 710 715 720
Pro Arg Leu Pro Arg Gly Glu Leu His Val Gln Gly
725 730

<210> 181
<211> 732
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> SEQ ID NO: 181

<400> 181
Met Ala Pro Pro His Gln Phe Gln Ser Lys Pro Ser Asp Val Ile Arg
1 5 10 15
Arg Arg Leu Ser Ser Ala Val Ser Ser Lys Arg Pro Asn Ile Pro Gly
20 25 30
Tyr Thr Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly Ile Ala Gly Ala Val Val
35 40 45
Asn Asn Asn Thr Gln Phe Glu Val Ala Ile Ser Ile His Asp Ser Val
50 55 60
Tyr Asn Thr Asp Phe Ala Ser Ser Val Val Pro Tyr Ser Pro Asn Glu
65 70 75 80
Pro Glu Ala Gln Ala Gly Ile Ile Glu Lys His Val Leu Glu Thr Leu
85 90 95
Arg Lys Phe Ser Thr Glu His Met Cys Lys Phe Leu Gly Ala Gly Val
100 105 110
Thr Val Ile Leu Leu Arg Glu Ala Pro Asn Leu Cys Thr Arg Leu Trp
115 120 125
Leu Asp Met Asp Ile Val Pro Ile Val Phe Asn Ile Lys Pro Phe His
130 135 140
Thr Asp Ser Ile Thr Arg Pro Asn Val Arg His Arg Ile Ser Ser Thr
145 150 155 160
Thr Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu Thr Pro Thr Val Tyr Tyr
165 170 175
Asp Pro Ala Gln Leu Gln Asp Pro Asn Lys Leu Ser Ala Asn Val Gln
180 185 190
Thr Arg Leu Pro Ile Pro Arg Thr Val Asp Glu Gln Ala Asp Ser Ala
195 200 205

```
Ala Arg Lys Cys Ile Met Tyr Phe Gly Pro Gly Asn Asn Pro Arg Leu
    210                 215                 220
Gln Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala Gly Gly Lys Ile
225                 230                 235                 240
His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr Val Gly Lys Gly
                245                 250                 255
Thr Trp Asn Ser Val Ile Lys Leu Ala Asp Glu Leu Arg Glu Lys Lys
            260                 265                 270
Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly Gly Gly Val Ala
        275                 280                 285
Leu Met Arg His Ala Ile Ile Arg Phe Phe Thr Ala Leu Asp Val Asp
    290                 295                 300
Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val Phe Arg Thr Thr
305                 310                 315                 320
Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Asp Pro Ser Leu Arg
                325                 330                 335
Leu Thr Lys Glu Ala Ala Asp Asn Tyr Asp Ser Trp Ile Leu Lys Asn
            340                 345                 350
Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala Pro Gly Gly Val
        355                 360                 365
Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Val Gly Leu Ile Pro Leu
    370                 375                 380
Ile Lys Arg Ile Arg Pro Asp Leu Pro Ile Ile Tyr Arg Ser His Ile
385                 390                 395                 400
Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Val Lys Gly Ser Pro Gln Glu Glu
                405                 410                 415
Val Trp Asn Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln His Ser Asp Leu Phe Ile
            420                 425                 430
Ser His Pro Val Asn Lys Phe Val Pro Ser Asp Val Pro Leu Glu Lys
        435                 440                 445
Leu Ala Leu Leu Gly Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp Gly Leu Ser Lys
    450                 455                 460
His Leu Asp Ala Trp Asp Ser Gln Tyr Tyr Met Gly Glu Phe Arg Asn
465                 470                 475                 480
Leu Cys Val Lys Glu Lys Met Asn Glu Leu Gly Trp Pro Ala Arg Glu
                485                 490                 495
Tyr Ile Val Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ser Lys Gly Ile Pro Asn
            500                 505                 510
Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Lys Leu Cys Val Asp Lys Val
        515                 520                 525
Met Glu Asp Asp Ile Pro Gln Leu Leu Leu Cys Gly His Gly Ala Val
    530                 535                 540
Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp Gln Val Leu Gln Leu Ile
545                 550                 555                 560
His Ala Lys Tyr Lys Glu Tyr Ala Pro Asp Ile Val Val Met Arg Cys
                565                 570                 575
Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asn Thr Leu Met Ala Asn Ala Lys Phe
            580                 585                 590
Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe Glu Val Lys Val Ser Glu
        595                 600                 605
Ala Leu His Ala Gly Lys Pro Val Ile Ala Cys Arg Thr Gly Gly Ile
    610                 615                 620
Pro Leu Gln Ile Glu His Gly Lys Ser Gly Tyr Leu Cys Glu Pro Gly
625                 630                 635                 640
```

```
Asp Asn Ala Ala Val Ala Gln His Met Leu Asp Leu Tyr Thr Asp Glu
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Asp Thr Met Ser Glu Tyr Ala Arg Thr His Val Ser Asp
            660                 665                 670
Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala Trp Met Tyr Leu Ala Val
        675                 680                 685
Met Tyr Val Ser Arg Gly Val Lys Leu Arg Pro His Gly Ala Trp Ile
    690                 695                 700
Asn Asp Leu Met Arg Thr Glu Met Gly Glu Pro Tyr Arg Pro Gly Glu
705                 710                 715                 720
Pro Arg Leu Pro Arg Gly Glu Leu His Val Gln Gly
                725                 730
```

<210> 182
<211> 732
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> SEQ ID NO: 182

<400> 182

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

```
                245                 250                 255
Thr Trp Asn Ser Val Ile Lys Leu Ala Asp Glu Leu Arg Glu Lys Lys
            260                 265                 270
Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly Gly Gly Val Ala
        275                 280                 285
Leu Met Arg His Ala Ile Ile Arg Phe Phe Thr Ala Leu Asp Val Asp
    290                 295                 300
Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val Phe Arg Thr Thr
305                 310                 315                 320
Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Asp Pro Ser Leu Arg
                325                 330                 335
Leu Thr Lys Glu Ala Ala Asp Asn Phe Asp Ser Trp Ile Leu Lys Asn
            340                 345                 350
Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala Pro Gly Gly Val
        355                 360                 365
Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Val Gly Leu Ile Pro Leu
    370                 375                 380
Ile Lys Arg Ile Arg Pro Asp Leu Pro Ile Ile Tyr Arg Ser His Ile
385                 390                 395                 400
Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Val Lys Gly Ser Pro Gln Glu Glu
                405                 410                 415
Val Trp Asn Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln His Ser Asp Leu Phe Ile
            420                 425                 430
Ser His Pro Val Asn Lys Phe Val Pro Ser Asp Val Pro Leu Glu Lys
        435                 440                 445
Leu Ala Leu Leu Gly Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp Gly Leu Ser Lys
    450                 455                 460
His Leu Asp Ala Trp Asp Ser Gln Tyr Tyr Met Gly Glu Phe Arg Asn
465                 470                 475                 480
Leu Cys Ala Lys Glu Lys Met Asn Glu Leu Gly Trp Pro Ala Arg Glu
                485                 490                 495
Tyr Ile Val Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ser Lys Gly Ile Pro Asn
            500                 505                 510
Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Lys Leu Cys Val Asp Lys Val
        515                 520                 525
Met Glu Asp Asp Ile Pro Gln Leu Leu Leu Cys Gly His Gly Ala Val
    530                 535                 540
Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp Gln Val Leu Gln Leu Ile
545                 550                 555                 560
His Ala Lys Tyr Lys Glu Tyr Ala Pro Asp Ile Val Val Met Arg Cys
                565                 570                 575
Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asn Thr Leu Met Ala Asn Ala Lys Phe
            580                 585                 590
Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe Glu Val Lys Val Ser Glu
        595                 600                 605
Ala Leu His Ala Gly Lys Pro Val Ile Ala Cys Arg Thr Gly Gly Ile
    610                 615                 620
Pro Leu Gln Ile Glu His Gly Lys Ser Gly Tyr Leu Cys Glu Pro Gly
625                 630                 635                 640
Asp Asn Ala Ala Val Ala Gln His Met Leu Asp Leu Tyr Thr Asp Glu
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Asp Thr Met Ser Glu Tyr Ala Arg Thr His Val Ser Asp
            660                 665                 670
Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala Trp Met Tyr Leu Ala Val
```

675 680 685
Met Tyr Val Ser Arg Gly Val Lys Leu Arg Pro His Gly Ala Trp Ile
690 695 700
Asn Asp Leu Met Arg Thr Glu Met Gly Glu Pro Tyr Arg Pro Gly Glu
705 710 715 720
Pro Arg Leu Pro Arg Gly Glu Leu His Val Gln Gly
725 730

<210> 183
<211> 732
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> SEQ ID NO: 183

<400> 183
Met Ala Pro Pro His Gln Phe Gln Ser Lys Pro Ser Asp Val Ile Arg
1 5 10 15
Arg Arg Leu Ser Ser Ala Val Ser Ser Lys Arg Pro Asn Ile Pro Gly
20 25 30
Tyr Thr Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly Ile Ala Gly Ala Val Val
35 40 45
Asn Asn Asn Thr Gln Phe Glu Val Ala Ile Ser Ile His Asp Ser Val
50 55 60
Tyr Asn Thr Asp Phe Ala Ser Ser Val Val Pro Tyr Ser Pro Asn Glu
65 70 75 80
Pro Glu Ala Gln Ala Gly Ile Ile Glu Lys His Val Leu Glu Thr Leu
85 90 95
Arg Lys Phe Ser Thr Glu His Met Cys Lys Phe Leu Gly Ala Gly Val
100 105 110
Thr Val Ile Leu Leu Arg Glu Ala Pro Asn Leu Cys Thr Arg Leu Trp
115 120 125
Leu Asp Met Asp Ile Val Pro Ile Val Phe Asn Ile Lys Pro Phe His
130 135 140
Thr Asp Ser Ile Thr Arg Pro Asn Val Arg His Arg Ile Ser Ser Thr
145 150 155 160
Thr Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu Thr Pro Thr Val Tyr Tyr
165 170 175
Asp Pro Ala Gln Leu Gln Asp Pro Asn Lys Leu Ser Ala Asn Val Gln
180 185 190
Thr Arg Leu Pro Ile Pro Arg Thr Val Asp Glu Gln Ala Asp Ser Ala
195 200 205
Ala Arg Lys Cys Ile Met Tyr Phe Gly Pro Gly Asn Asn Pro Arg Leu
210 215 220
Gln Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala Gly Gly Lys Ile
225 230 235 240
His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr Val Gly Lys Gly
245 250 255
Thr Trp Asn Ser Val Ile Lys Leu Ala Asp Glu Leu Arg Glu Lys Lys
260 265 270
Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly Gly Gly Val Ala
275 280 285

```
Leu Met Arg His Ala Ile Ile Arg Phe Phe Thr Ala Leu Asp Val Asp
    290                 295                 300
Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val Phe Arg Thr Thr
305                 310                 315                 320
Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Asp Pro Ser Leu Arg
                325                 330                 335
Leu Thr Lys Glu Ala Ala Asp Asn Phe Asp Ser Trp Ile Leu Lys Asn
            340                 345                 350
Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala Pro Gly Gly Val
        355                 360                 365
Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Val Gly Leu Ile Pro Leu
    370                 375                 380
Ile Lys Arg Ile Arg Pro Asp Leu Pro Ile Ile Tyr Arg Ser His Ile
385                 390                 395                 400
Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Val Lys Gly Ser Pro Gln Glu Glu
                405                 410                 415
Val Trp Asn Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln His Ser Asp Leu Phe Ile
            420                 425                 430
Ser His Pro Val Asn Lys Phe Val Pro Ser Asp Val Pro Leu Glu Lys
        435                 440                 445
Leu Ala Leu Leu Gly Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp Gly Leu Ser Lys
    450                 455                 460
His Leu Asp Ala Trp Asp Ser Gln Tyr Tyr Met Gly Glu Phe Arg Asn
465                 470                 475                 480
Leu Cys Val Lys Glu Lys Met Asn Glu Leu Gly Trp Pro Ala Arg Glu
                485                 490                 495
Tyr Ile Val Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ser Lys Gly Ile Pro Asn
            500                 505                 510
Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Lys Leu Cys Val Asp Lys Val
        515                 520                 525
Met Glu Asp Asp Ile Pro Gln Leu Leu Leu Cys Gly His Gly Ala Ile
    530                 535                 540
Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp Gln Val Leu Gln Leu Ile
545                 550                 555                 560
His Ala Lys Tyr Lys Glu Tyr Ala Pro Asp Ile Val Val Met Arg Cys
                565                 570                 575
Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asn Thr Leu Met Ala Asn Ala Lys Phe
            580                 585                 590
Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe Glu Val Lys Val Ser Glu
        595                 600                 605
Ala Leu His Ala Gly Lys Pro Val Ile Ala Cys Arg Thr Gly Gly Ile
    610                 615                 620
Pro Leu Gln Ile Glu His Gly Lys Ser Gly Tyr Leu Cys Glu Pro Gly
625                 630                 635                 640
Asp Asn Ala Ala Val Ala Gln His Met Leu Asp Leu Tyr Thr Asp Glu
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Asp Thr Met Ser Glu Tyr Ala Arg Thr His Val Ser Asp
            660                 665                 670
Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala Trp Met Tyr Leu Ala Val
        675                 680                 685
Met Tyr Val Ser Arg Gly Val Lys Leu Arg Pro His Gly Ala Trp Ile
    690                 695                 700
Asn Asp Leu Met Arg Thr Glu Met Gly Glu Pro Tyr Arg Pro Gly Glu
705                 710                 715                 720
```

Pro Arg Leu Pro Arg Gly Glu Leu His Val Gln Gly
725 730

<210> 184
<211> 732
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> SEQ ID NO: 184

<400> 184
Met Ala Pro Pro His Gln Phe Gln Ser Lys Pro Ser Asp Val Ile Arg
1 5 10 15
Arg Arg Leu Ser Ser Ala Val Ser Ser Lys Arg Pro Asn Ile Pro Gly
20 25 30
Tyr Thr Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly Ile Ala Gly Ala Val Val
35 40 45
Asn Asn Asn Thr Gln Phe Glu Val Ala Ile Ser Ile His Asp Ser Val
50 55 60
Tyr Asn Thr Asp Phe Ala Ser Ser Val Val Pro Tyr Ser Pro Asn Glu
65 70 75 80
Pro Glu Ala Gln Ala Gly Ile Ile Glu Lys His Val Leu Glu Thr Leu
85 90 95
Arg Lys Phe Ser Thr Glu His Met Cys Lys Phe Leu Gly Ala Gly Val
100 105 110
Thr Val Ile Leu Leu Arg Glu Ala Pro Asn Leu Cys Thr Arg Leu Trp
115 120 125
Leu Asp Met Asp Ile Val Pro Ile Val Phe Asn Ile Lys Pro Phe His
130 135 140
Thr Asp Ser Ile Thr Arg Pro Asn Val Arg His Arg Ile Ser Ser Thr
145 150 155 160
Thr Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu Thr Pro Thr Val Tyr Tyr
165 170 175
Asp Pro Ala Gln Leu Gln Asp Pro Asn Lys Leu Ser Ala Asn Val Gln
180 185 190
Thr Arg Leu Pro Ile Pro Arg Thr Val Asp Glu Gln Ala Asp Ser Ala
195 200 205
Ala Arg Lys Cys Ile Met Tyr Phe Gly Pro Gly Asn Asn Pro Arg Leu
210 215 220
Gln Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala Gly Gly Lys Ile
225 230 235 240
His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr Val Gly Lys Gly
245 250 255
Thr Trp Asn Ser Val Ile Lys Leu Ala Asp Glu Leu Arg Glu Lys Lys
260 265 270
Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly Gly Gly Val Ala
275 280 285
Leu Met Arg His Ala Ile Ile Arg Phe Phe Thr Ala Leu Asp Val Asp
290 295 300
Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val Phe Arg Thr Thr
305 310 315 320
Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Asp Pro Ser Leu Arg

```
                325                 330                 335
Leu Thr Lys Glu Ala Ala Asp Asn Phe Asp Ser Trp Ile Leu Lys Asn
            340                 345                 350
Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala Pro Gly Gly Val
        355                 360                 365
Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Val Gly Leu Ile Pro Leu
    370                 375                 380
Ile Lys Arg Ile Arg Pro Asp Leu Pro Ile Ile Tyr Arg Ser His Ile
385                 390                 395                 400
Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Val Lys Gly Ser Pro Gln Glu Glu
                405                 410                 415
Val Trp Asn Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln His Ser Asp Leu Phe Ile
            420                 425                 430
Ser His Pro Val Asn Lys Phe Val Pro Ser Asp Val Pro Leu Glu Lys
        435                 440                 445
Leu Ala Leu Leu Gly Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp Gly Leu Ser Lys
    450                 455                 460
His Leu Asp Ala Trp Asp Ser Gln Tyr Tyr Met Gly Glu Phe Arg Asn
465                 470                 475                 480
Leu Cys Val Lys Glu Lys Met Asn Glu Leu Gly Trp Pro Ala Arg Glu
                485                 490                 495
Tyr Ile Val Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ser Lys Gly Ile Pro Asn
            500                 505                 510
Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Lys Leu Cys Val Asp Lys Val
        515                 520                 525
Met Glu Asp Asp Ile Pro Gln Leu Leu Leu Cys Gly His Gly Ala Val
    530                 535                 540
Asp Asp Pro Asp Ala Thr Ile Ile Tyr Asp Gln Val Leu Gln Leu Ile
545                 550                 555                 560
His Ala Lys Tyr Lys Glu Tyr Ala Pro Asp Ile Val Val Met Arg Cys
                565                 570                 575
Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asn Thr Leu Met Ala Asn Ala Lys Phe
            580                 585                 590
Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe Glu Val Lys Val Ser Glu
        595                 600                 605
Ala Leu His Ala Gly Lys Pro Val Ile Ala Cys Arg Thr Gly Gly Ile
    610                 615                 620
Pro Leu Gln Ile Glu His Gly Lys Ser Gly Tyr Leu Cys Glu Pro Gly
625                 630                 635                 640
Asp Asn Ala Ala Val Ala Gln His Met Leu Asp Leu Tyr Thr Asp Glu
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Asp Thr Met Ser Glu Tyr Ala Arg Thr His Val Ser Asp
            660                 665                 670
Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala Trp Met Tyr Leu Ala Val
        675                 680                 685
Met Tyr Val Ser Arg Gly Val Lys Leu Arg Pro His Gly Ala Trp Ile
    690                 695                 700
Asn Asp Leu Met Arg Thr Glu Met Gly Glu Pro Tyr Arg Pro Gly Glu
705                 710                 715                 720
Pro Arg Leu Pro Arg Gly Glu Leu His Val Gln Gly
                725                 730
```

<210> 185
<211> 732

<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> SEQ ID NO: 185

<400> 185

```
Met Ala Pro Pro His Gln Phe Gln Ser Lys Pro Ser Asp Val Ile Arg
1               5                  10                  15
Arg Arg Leu Ser Ser Ala Val Ser Ser Lys Arg Pro Asn Ile Pro Gly
            20                  25                  30
Tyr Thr Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly Ile Ala Gly Ala Val Val
        35                  40                  45
Asn Asn Asn Thr Gln Phe Glu Val Ala Ile Ser Ile His Asp Ser Val
    50                  55                  60
Tyr Asn Thr Asp Phe Ala Ser Ser Val Val Pro Tyr Ser Pro Asn Glu
65                  70                  75                  80
Pro Glu Ala Gln Ala Gly Ile Ile Glu Lys His Val Leu Glu Thr Leu
                85                  90                  95
Arg Lys Phe Ser Thr Glu His Met Cys Lys Phe Leu Gly Ala Gly Val
            100                 105                 110
Thr Val Ile Leu Leu Arg Glu Ala Pro Asn Leu Cys Thr Arg Leu Trp
        115                 120                 125
Leu Asp Met Asp Ile Val Pro Ile Val Phe Asn Ile Lys Pro Phe His
    130                 135                 140
Thr Asp Ser Ile Thr Arg Pro Asn Val Arg His Arg Ile Ser Ser Thr
145                 150                 155                 160
Thr Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu Thr Pro Thr Val Tyr Tyr
                165                 170                 175
Asp Pro Ala Gln Leu Gln Asp Pro Asn Lys Leu Ser Ala Asn Val Gln
            180                 185                 190
Thr Arg Leu Pro Ile Pro Arg Thr Val Asp Glu Gln Ala Asp Ser Ala
        195                 200                 205
Ala Arg Lys Cys Ile Met Tyr Phe Gly Pro Gly Asn Asn Pro Arg Leu
    210                 215                 220
Gln Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala Gly Gly Lys Ile
225                 230                 235                 240
His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr Val Gly Lys Gly
                245                 250                 255
Thr Trp Asn Ser Val Ile Lys Leu Ala Asp Glu Leu Arg Glu Lys Lys
            260                 265                 270
Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly Gly Gly Val Ala
        275                 280                 285
Leu Met Arg His Ala Ile Ile Arg Phe Phe Thr Ala Leu Asp Val Asp
    290                 295                 300
Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val Phe Arg Thr Thr
305                 310                 315                 320
Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Asp Pro Ser Leu Arg
                325                 330                 335
Leu Thr Lys Glu Ala Ala Asp Asn Phe Asp Ser Trp Ile Leu Lys Asn
            340                 345                 350
Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala Pro Gly Gly Val
        355                 360                 365
```

```
Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Val Gly Leu Ile Pro Leu
    370                 375                 380
Ile Lys Arg Ile Arg Pro Asp Leu Pro Ile Ile Tyr Arg Ser His Ile
385                 390                 395                 400
Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Val Lys Gly Ser Pro Gln Glu Glu
                405                 410                 415
Val Trp Asn Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln His Ser Asp Leu Phe Ile
            420                 425                 430
Ser His Pro Val Asn Lys Phe Val Pro Ser Asp Val Pro Leu Glu Lys
        435                 440                 445
Leu Ala Leu Leu Gly Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp Gly Leu Ser Lys
    450                 455                 460
His Leu Asp Ala Trp Asp Ser Gln Tyr Tyr Met Gly Glu Phe Arg Asn
465                 470                 475                 480
Leu Cys Ala Lys Glu Lys Met Asn Glu Leu Gly Trp Pro Ala Arg Glu
                485                 490                 495
Tyr Ile Val Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ser Lys Gly Ile Pro Asn
            500                 505                 510
Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Lys Leu Cys Val Asp Lys Val
        515                 520                 525
Met Glu Asp Asp Ile Pro Gln Leu Leu Leu Cys Gly His Gly Ala Val
    530                 535                 540
Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp Gln Val Leu Glu Leu Ile
545                 550                 555                 560
His Ala Lys Tyr Lys Glu Tyr Ala Pro Asp Ile Val Val Met Arg Cys
                565                 570                 575
Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asn Thr Leu Met Ala Asn Ala Lys Phe
            580                 585                 590
Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe Glu Val Lys Val Ser Glu
        595                 600                 605
Ala Leu His Ala Gly Lys Pro Val Ile Ala Cys Arg Thr Gly Gly Ile
    610                 615                 620
Pro Leu Gln Ile Glu His Gly Lys Ser Gly Tyr Leu Cys Glu Pro Gly
625                 630                 635                 640
Asp Asn Ala Ala Val Ala Gln His Met Leu Asp Leu Tyr Thr Asp Glu
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Asp Thr Met Ser Glu Tyr Ala Arg Thr His Val Ser Asp
            660                 665                 670
Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala Trp Met Tyr Leu Ala Val
        675                 680                 685
Met Tyr Val Ser Arg Gly Val Lys Leu Arg Pro His Gly Ala Trp Ile
    690                 695                 700
Asn Asp Leu Met Arg Thr Glu Met Gly Glu Pro Tyr Arg Pro Gly Glu
705                 710                 715                 720
Pro Arg Leu Pro Arg Gly Glu Leu His Val Gln Gly
                725                 730
```

<210> 186
<211> 732
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>

<223> SEQ ID NO: 186

<400> 186

```
Met Ala Pro Pro His Gln Phe Gln Ser Lys Pro Ser Asp Val Ile Arg
1               5                  10                  15
Arg Arg Leu Ser Ser Ala Val Ser Ser Lys Arg Pro Asn Ile Pro Gly
            20                  25                  30
Tyr Thr Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly Ile Ala Gly Ala Val Val
        35                  40                  45
Asn Asn Asn Thr Gln Phe Glu Val Ala Ile Ser Ile His Asp Ser Val
    50                  55                  60
Tyr Asn Thr Asp Phe Ala Ser Ser Val Val Pro Tyr Ser Pro Asn Glu
65                  70                  75                  80
Pro Glu Ala Gln Ala Gly Ile Ile Glu Lys His Val Leu Glu Thr Leu
                85                  90                  95
Arg Lys Phe Ser Thr Glu His Met Cys Lys Phe Leu Gly Ala Gly Val
            100                 105                 110
Thr Val Ile Leu Leu Arg Glu Ala Pro Asn Leu Cys Thr Arg Leu Trp
        115                 120                 125
Leu Asp Met Asp Ile Val Pro Ile Val Phe Asn Ile Lys Pro Phe His
    130                 135                 140
Thr Asp Ser Ile Thr Arg Pro Asn Val Arg His Arg Ile Ser Ser Thr
145                 150                 155                 160
Thr Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu Thr Pro Thr Val Tyr Tyr
                165                 170                 175
Asp Pro Ala Gln Leu Gln Asp Pro Asn Lys Leu Ser Ala Asn Val Gln
            180                 185                 190
Thr Arg Leu Pro Ile Pro Arg Thr Val Asp Glu Gln Ala Asp Ser Ala
        195                 200                 205
Ala Arg Lys Cys Ile Met Tyr Phe Gly Pro Gly Asn Asn Pro Arg Leu
    210                 215                 220
Gln Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala Gly Gly Lys Ile
225                 230                 235                 240
His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr Val Gly Lys Gly
                245                 250                 255
Thr Trp Asn Ser Val Ile Lys Leu Ala Asp Glu Leu Arg Glu Lys Lys
            260                 265                 270
Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly Gly Gly Val Ala
        275                 280                 285
Leu Met Arg His Ala Ile Ile Arg Phe Phe Thr Ala Leu Asp Val Asp
    290                 295                 300
Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val Phe Arg Thr Thr
305                 310                 315                 320
Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Asp Pro Ser Leu Arg
                325                 330                 335
Leu Thr Lys Glu Ala Ala Asp Asn Phe Asp Ser Trp Ile Leu Lys Asn
            340                 345                 350
Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala Pro Gly Gly Val
        355                 360                 365
Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Val Gly Leu Ile Pro Leu
    370                 375                 380
Ile Lys Arg Ile Arg Pro Asp Leu Pro Ile Ile Tyr Arg Ser His Ile
385                 390                 395                 400
Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Val Lys Gly Ser Pro Gln Glu Glu
```

```
                405                 410                 415
Val Trp Asn Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln His Ser Asp Leu Phe Ile
            420                 425                 430
Ser His Pro Val Asn Lys Phe Val Pro Ser Asp Val Pro Leu Glu Lys
        435                 440                 445
Leu Ala Leu Leu Gly Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp Gly Leu Ser Lys
    450                 455                 460
His Leu Asp Ala Trp Asp Ser Gln Tyr Tyr Met Gly Glu Phe Arg Asn
465                 470                 475                 480
Leu Cys Val Lys Glu Lys Met Asn Glu Leu Gly Trp Pro Ala Arg Glu
                485                 490                 495
Tyr Ile Val Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ser Lys Gly Ile Pro Asn
            500                 505                 510
Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Lys Leu Cys Val Asp Lys Val
        515                 520                 525
Met Glu Asp Asp Ile Pro Gln Leu Leu Leu Cys Gly His Gly Ala Ile
    530                 535                 540
Asp Asp Pro Asp Ala Thr Ile Ile Tyr Asp Gln Val Leu Gln Leu Ile
545                 550                 555                 560
His Ala Lys Tyr Lys Glu Tyr Ala Pro Asp Ile Val Val Met Arg Cys
                565                 570                 575
Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asn Thr Leu Met Ala Asn Ala Lys Phe
            580                 585                 590
Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe Glu Val Lys Val Ser Glu
        595                 600                 605
Ala Leu His Ala Gly Lys Pro Val Ile Ala Cys Arg Thr Gly Gly Ile
    610                 615                 620
Pro Leu Gln Ile Glu His Gly Lys Ser Gly Tyr Leu Cys Glu Pro Gly
625                 630                 635                 640
Asp Asn Ala Ala Val Ala Gln His Met Leu Asp Leu Tyr Thr Asp Glu
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Asp Thr Met Ser Glu Tyr Ala Arg Thr His Val Ser Asp
            660                 665                 670
Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala Trp Met Tyr Leu Ala Val
        675                 680                 685
Met Tyr Val Ser Arg Gly Val Lys Leu Arg Pro His Gly Ala Trp Ile
    690                 695                 700
Asn Asp Leu Met Arg Thr Glu Met Gly Glu Pro Tyr Arg Pro Gly Glu
705                 710                 715                 720
Pro Arg Leu Pro Arg Gly Glu Leu His Val Gln Gly
                725                 730
```

<210> 187
<211> 732
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> SEQ ID NO: 187

<400> 187

```
Met Ala Pro Pro His Gln Phe Gln Ser Lys Pro Ser Asp Val Ile Arg
1               5                   10                  15
```

```
Arg Arg Leu Ser Ser Ala Val Ser Ser Lys Arg Pro Asn Ile Pro Gly
            20                  25                  30
Tyr Thr Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly Ile Ala Gly Ala Val Val
        35                  40                  45
Asn Asn Asn Thr Gln Phe Glu Val Ala Ile Ser Ile His Asp Ser Val
    50                  55                  60
Tyr Asn Thr Asp Phe Ala Ser Ser Val Val Pro Tyr Ser Pro Asn Glu
65                  70                  75                  80
Pro Glu Ala Gln Ala Gly Ile Ile Glu Lys His Val Leu Glu Thr Leu
                85                  90                  95
Arg Lys Phe Ser Thr Glu His Met Cys Lys Phe Leu Gly Ala Gly Val
            100                 105                 110
Thr Val Ile Leu Leu Arg Glu Ala Pro Asn Leu Cys Thr Arg Leu Trp
        115                 120                 125
Leu Asp Met Asp Ile Val Pro Ile Val Phe Asn Ile Lys Pro Phe His
    130                 135                 140
Thr Asp Ser Ile Thr Arg Pro Asn Val Arg His Arg Ile Ser Ser Thr
145                 150                 155                 160
Thr Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu Thr Pro Thr Val Tyr Tyr
                165                 170                 175
Asp Pro Ala Gln Leu Gln Asp Pro Asn Lys Leu Ser Ala Asn Val Gln
            180                 185                 190
Thr Arg Leu Pro Ile Pro Arg Thr Val Asp Glu Gln Ala Asp Ser Ala
        195                 200                 205
Ala Arg Lys Cys Ile Met Tyr Phe Gly Pro Gly Asn Asn Pro Arg Leu
    210                 215                 220
Gln Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala Gly Gly Lys Ile
225                 230                 235                 240
His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr Val Gly Lys Gly
                245                 250                 255
Thr Trp Asn Ser Val Ile Lys Leu Ala Asp Glu Leu Arg Glu Lys Lys
            260                 265                 270
Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly Gly Gly Val Ala
        275                 280                 285
Leu Met Arg His Ala Ile Ile Arg Phe Phe Thr Ala Leu Asp Val Asp
    290                 295                 300
Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val Phe Arg Thr Thr
305                 310                 315                 320
Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Asp Pro Ser Leu Arg
                325                 330                 335
Leu Thr Lys Glu Ala Ala Asp Asn Phe Asp Ser Trp Ile Leu Lys Asn
            340                 345                 350
Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala Pro Gly Gly Val
        355                 360                 365
Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Val Gly Leu Ile Pro Leu
    370                 375                 380
Ile Lys Arg Ile Arg Pro Asp Leu Pro Ile Ile Tyr Arg Ser His Ile
385                 390                 395                 400
Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Val Lys Gly Ser Pro Gln Glu Glu
                405                 410                 415
Val Trp Asn Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln His Ser Asp Leu Phe Ile
            420                 425                 430
Ser His Pro Val Asn Lys Phe Val Pro Ser Asp Val Pro Leu Glu Lys
        435                 440                 445
```

```
Leu Ala Leu Leu Gly Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp Gly Leu Ser Lys
    450                 455                 460
His Leu Asp Ala Trp Asp Ser Gln Tyr Tyr Met Gly Glu Phe Arg Asn
465                 470                 475                 480
Leu Cys Val Lys Glu Lys Met Asn Glu Leu Gly Trp Pro Ala Arg Glu
                485                 490                 495
Tyr Ile Val Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ser Lys Gly Ile Pro Asn
            500                 505                 510
Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Lys Leu Cys Val Asp Lys Val
        515                 520                 525
Met Glu Asp Asp Ile Pro Gln Leu Leu Leu Cys Gly His Gly Ala Ile
    530                 535                 540
Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp Gln Val Leu Glu Leu Ile
545                 550                 555                 560
His Ala Lys Tyr Lys Glu Tyr Ala Pro Asp Ile Val Val Met Arg Cys
                565                 570                 575
Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asn Thr Leu Met Ala Asn Ala Lys Phe
            580                 585                 590
Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe Glu Val Lys Val Ser Glu
        595                 600                 605
Ala Leu His Ala Gly Lys Pro Val Ile Ala Cys Arg Thr Gly Gly Ile
    610                 615                 620
Pro Leu Gln Ile Glu His Gly Lys Ser Gly Tyr Leu Cys Glu Pro Gly
625                 630                 635                 640
Asp Asn Ala Ala Val Ala Gln His Met Leu Asp Leu Tyr Thr Asp Glu
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Asp Thr Met Ser Glu Tyr Ala Arg Thr His Val Ser Asp
            660                 665                 670
Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala Trp Met Tyr Leu Ala Val
        675                 680                 685
Met Tyr Val Ser Arg Gly Val Lys Leu Arg Pro His Gly Ala Trp Ile
    690                 695                 700
Asn Asp Leu Met Arg Thr Glu Met Gly Glu Pro Tyr Arg Pro Gly Glu
705                 710                 715                 720
Pro Arg Leu Pro Arg Gly Glu Leu His Val Gln Gly
                725                 730
```

<210> 188
<211> 732
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> SEQ ID NO: 188

<400> 188

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

```
    50                  55                  60
Tyr Asn Thr Asp Phe Ala Ser Ser Val Val Pro Tyr Ser Pro Asn Glu
65                  70                  75                  80
Pro Glu Ala Gln Ala Gly Ile Ile Glu Lys His Val Leu Glu Thr Leu
                85                  90                  95
Arg Lys Phe Ser Thr Glu His Met Cys Lys Phe Leu Gly Ala Gly Val
            100                 105                 110
Thr Val Ile Leu Leu Arg Glu Ala Pro Asn Leu Cys Thr Arg Leu Trp
        115                 120                 125
Leu Asp Met Asp Ile Val Pro Ile Val Phe Asn Ile Lys Pro Phe His
    130                 135                 140
Thr Asp Ser Ile Thr Arg Pro Asn Val Arg His Arg Ile Ser Ser Thr
145                 150                 155                 160
Thr Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu Thr Pro Thr Val Tyr Tyr
                165                 170                 175
Asp Pro Ala Gln Leu Gln Asp Pro Asn Lys Leu Ser Ala Asn Val Gln
            180                 185                 190
Thr Arg Leu Pro Ile Pro Arg Thr Val Asp Glu Gln Ala Asp Ser Ala
        195                 200                 205
Ala Arg Lys Cys Ile Met Tyr Phe Gly Pro Gly Asn Asn Pro Arg Leu
    210                 215                 220
Gln Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala Gly Gly Lys Ile
225                 230                 235                 240
His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr Val Gly Lys Gly
                245                 250                 255
Thr Trp Asn Ser Val Ile Lys Leu Ala Asp Glu Leu Arg Glu Lys Lys
            260                 265                 270
Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly Gly Gly Val Ala
        275                 280                 285
Leu Met Arg His Ala Ile Ile Arg Phe Phe Thr Ala Leu Asp Val Asp
    290                 295                 300
Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val Phe Arg Thr Thr
305                 310                 315                 320
Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Asp Pro Ser Leu Arg
                325                 330                 335
Leu Thr Lys Glu Ala Ala Asp Asn Phe Asp Ser Trp Ile Leu Lys Asn
            340                 345                 350
Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala Pro Gly Gly Val
        355                 360                 365
Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Val Gly Leu Ile Pro Leu
    370                 375                 380
Ile Lys Arg Ile Arg Pro Asp Leu Pro Ile Ile Tyr Arg Ser His Ile
385                 390                 395                 400
Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Val Lys Gly Ser Pro Gln Glu Glu
                405                 410                 415
Val Trp Asn Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln His Ser Asp Leu Phe Ile
            420                 425                 430
Ser His Pro Val Asn Lys Phe Val Pro Ser Asp Val Pro Leu Glu Lys
        435                 440                 445
Leu Ala Leu Leu Gly Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp Gly Leu Ser Lys
    450                 455                 460
His Leu Asp Ala Trp Asp Ser Gln Tyr Tyr Met Gly Glu Phe Arg Asn
465                 470                 475                 480
Leu Cys Val Lys Glu Lys Met Asn Glu Leu Gly Trp Pro Ala Arg Glu
```

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

<210> 189
<211> 732
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> SEQ ID NO: 189

<400> 189

```
Met Ala Pro Pro His Gln Phe Gln Ser Lys Pro Ser Asp Val Ile Arg
1               5                   10                  15
Arg Arg Leu Ser Ser Ala Val Ser Ser Lys Arg Pro Asn Ile Pro Gly
            20                  25                  30
Tyr Thr Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly Ile Ala Gly Ala Val Val
        35                  40                  45
Asn Asn Asn Thr Gln Phe Glu Val Ala Ile Ser Ile His Asp Ser Val
    50                  55                  60
Tyr Asn Thr Asp Phe Ala Ser Ser Val Val Pro Tyr Ser Pro Asn Glu
65                  70                  75                  80
Pro Glu Ala Gln Ala Gly Ile Ile Glu Lys His Val Leu Glu Thr Leu
                85                  90                  95
```

```
Arg Lys Phe Ser Thr Glu His Met Cys Lys Phe Leu Gly Ala Gly Val
            100                 105                 110
Thr Val Ile Leu Leu Arg Glu Ala Pro Asn Leu Cys Thr Arg Leu Trp
        115                 120                 125
Leu Asp Met Asp Ile Val Pro Ile Val Phe Asn Ile Lys Pro Phe His
    130                 135                 140
Thr Asp Ser Ile Thr Arg Pro Asn Val Arg His Arg Ile Ser Ser Thr
145                 150                 155                 160
Thr Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu Thr Pro Thr Val Tyr Tyr
                165                 170                 175
Asp Pro Ala Gln Leu Gln Asp Pro Asn Lys Leu Ser Ala Asn Val Gln
            180                 185                 190
Thr Arg Leu Pro Ile Pro Arg Thr Val Asp Glu Gln Ala Asp Ser Ala
        195                 200                 205
Ala Arg Lys Cys Ile Met Tyr Phe Gly Pro Gly Asn Asn Pro Arg Leu
    210                 215                 220
Gln Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala Gly Gly Lys Ile
225                 230                 235                 240
His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr Val Gly Lys Gly
                245                 250                 255
Thr Trp Asn Ser Val Ile Lys Leu Ala Asp Glu Leu Arg Glu Lys Lys
            260                 265                 270
Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly Gly Gly Val Ala
        275                 280                 285
Leu Met Arg His Ala Ile Ile Arg Phe Phe Thr Ala Leu Asp Val Asp
    290                 295                 300
Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val Phe Arg Thr Thr
305                 310                 315                 320
Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Asp Pro Ser Leu Arg
                325                 330                 335
Leu Thr Lys Glu Ala Ala Asp Asn Phe Asp Ser Trp Ile Leu Lys Asn
            340                 345                 350
Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala Pro Gly Gly Val
        355                 360                 365
Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Val Gly Leu Ile Pro Leu
    370                 375                 380
Ile Lys Arg Ile Arg Pro Asp Leu Pro Ile Ile Tyr Arg Ser His Ile
385                 390                 395                 400
Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Val Lys Gly Ser Pro Gln Glu Glu
                405                 410                 415
Val Trp Asn Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln His Ser Asp Leu Phe Ile
            420                 425                 430
Ser His Pro Val Asn Lys Phe Val Pro Ser Asp Val Pro Leu Glu Lys
        435                 440                 445
Leu Ala Leu Leu Gly Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp Gly Leu Ser Lys
    450                 455                 460
His Leu Asp Ala Trp Asp Ser Gln Tyr Tyr Met Gly Glu Phe Arg Asn
465                 470                 475                 480
Leu Cys Ala Lys Glu Lys Met Asn Glu Leu Gly Trp Pro Ala Arg Glu
                485                 490                 495
Tyr Ile Val Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ser Lys Gly Ile Pro Asn
            500                 505                 510
Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Lys Leu Cys Val Asp Lys Val
        515                 520                 525
```

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

<210> 190
<211> 737
<212> PRT
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> >SEQ ID NO:190

<400> 190

```
Met Ser Pro Pro His Gly Phe Ser Ser Val Pro Ser Thr Ala Ala Arg
1               5                   10                  15
Arg Arg Leu Ser Ser Lys Ala Ser Leu Thr Asn Arg Pro Thr Phe Thr
            20                  25                  30
Lys Ile Thr Thr Gln Thr Tyr Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly
        35                  40                  45
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
    50                  55                  60
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65                  70                  75                  80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
                85                  90                  95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
            100                 105                 110
Phe Ile Gly Ala Gly Val Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
        115                 120                 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
```

```
    130                 135                 140
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145                 150                 155                 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
                165                 170                 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
            180                 185                 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
        195                 200                 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
    210                 215                 220
Val Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ile
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Ile Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Ala Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Val Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Leu Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Asp Ala Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Ile Asp Asp Pro Asp Ala Thr Ile Ile Tyr Asp
545                 550                 555                 560
Gln Val Leu Glu Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
```

```
                565                 570                 575
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asn Cys Leu
            580                 585                 590
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
        595                 600                 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
    610                 615                 620
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625                 630                 635                 640
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Glu Gln Val Ala Arg His Met Tyr
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
            660                 665                 670
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
        675                 680                 685
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
    690                 695                 700
Lys Gly Ala Trp Leu Asn Asp Met Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
705                 710                 715                 720
Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
                725                 730                 735
Asp
```

<210> 191
<211> 737
<212> PRT
<213> Schizophyllum commune H4-8

<220>
<223> >XP_003035156.1 hq glycosyltransferaza 4 protein [Schizophyllum commune H4-8] >EFJ00254.1 hq glycosyltransferaza 4 protein [Schizophyllum commune H4-8]

<400> 191

```
Met Ser Pro Pro His Gly Phe Ser Ser Lys Pro Ser Thr Ala Ala Arg
1               5                   10                  15
Arg Arg Leu Ser Ser Lys Ala Ser Leu Thr Asn Arg Pro Thr Phe Ser
            20                  25                  30
Lys Ile Thr Thr Gln Thr Tyr Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly
        35                  40                  45
Ile Ala Gly Ala Pro Ile Asn Asn Gly Ser Gln Phe Glu Leu Ala Ile
    50                  55                  60
Ser Val His Asp Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Phe Val Ile
65                  70                  75                  80
Asp His Thr Pro Leu Asp Pro Glu Lys Ala Ala Lys Glu Ile Glu Lys
                85                  90                  95
His Val Leu Asp Ala Leu Arg Lys Phe Ser Gln Glu His Leu Cys Lys
            100                 105                 110
Phe Leu Gly Ala Gly Ile Thr Leu Ala Leu Leu Arg Glu Ser Pro Asn
        115                 120                 125
Ile Cys Thr Arg Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
    130                 135                 140
```

```
Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys
145                 150                 155                 160
His Arg Ile Ser Ser Thr Ser Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
                165                 170                 175
Thr Pro Thr Val Tyr Val Glu Ala Ser His Leu Gly Asn Asn Leu Ser
            180                 185                 190
Ala Gly Thr Ala Ser Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln
        195                 200                 205
Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Ala Ile Met Tyr Tyr Gly Pro Asn Asn
    210                 215                 220
Asn Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala
225                 230                 235                 240
Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr
                245                 250                 255
Val Gly Pro Ser Thr Trp Thr Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp Glu Leu
            260                 265                 270
Arg Glu Arg Gln Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly
        275                 280                 285
Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Ser Ala
    290                 295                 300
Leu Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val
305                 310                 315                 320
Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ser
                325                 330                 335
Pro Asp Leu Arg Leu Thr Gln Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp
            340                 345                 350
Ile Thr Lys Asn Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Val Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Pro Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Leu Pro Ile Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Ile Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Lys Ala Phe Val Pro Glu Asp Val
        435                 440                 445
Pro Ile Glu Arg Val Ala Leu Leu Pro Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Glu Leu Ser Asp Trp Asp Arg Gln Tyr Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ala Leu Cys Gln Lys Asp Lys Met Asn Thr Leu Asp Trp
                485                 490                 495
Pro Asn Arg Glu Tyr Cys Ile Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Leu Leu
        515                 520                 525
Asn Glu Ala Gly Asp Val Glu Pro Asp Asp Gln Pro Gln Leu Leu Ile
    530                 535                 540
Cys Gly His Gly Ala Val Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp
545                 550                 555                 560
Gln Val Leu Thr Leu Ile His Glu Lys Tyr Ala Glu Phe Ala Lys Asp
                565                 570                 575
```

```
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asp Cys Leu
            580                 585                 590
Met Ala Asn Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
        595                 600                 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Ile His Ala Gly Lys Pro Ile Ile Ala
    610                 615                 620
Ala Thr Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly
625                 630                 635                 640
Phe Leu Thr Glu Pro Gly Asp Asn Val Gln Val Ala Arg His Met Tyr
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Val Ala Leu Tyr Asp Arg Met Ser Gln Tyr Ala
            660                 665                 670
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala
        675                 680                 685
Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Val Tyr Thr Arg Gly Gln Lys Leu Ala Pro
    690                 695                 700
Lys Gly Ala Trp Leu Asn Asp Leu Leu Arg Glu Glu Thr Gly Thr Pro
705                 710                 715                 720
Tyr Val Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Ile Lys Val Gln
                725                 730                 735
Asp
```

<210> 192
<211> 626
<212> PRT
<213> Trametes cinnabarina

<220>
<223> >CDO74881.1 Họ glycosyltransferaza 4 protein [Trametes cinnabarina]

<400> 192

```
Met Pro Ala Ile Gly Ser Arg Gln Ala Asn Leu Ala Gln Ala Pro Asn
1               5                   10                  15
Leu Cys Thr Arg Leu Trp Leu Glu Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe
            20                  25                  30
Asn Ile Lys Pro Tyr His Thr Asp Ser Ile Thr Arg Pro Asn Ile Arg
        35                  40                  45
His Arg Ile Ser Ser Thr Thr Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu
    50                  55                  60
Thr Pro Thr Val Tyr Tyr Asp Pro Ser Gln Leu Pro Gly Ala Gln Ala
65                  70                  75                  80
Asn Leu Thr Ala Thr Gln Asn Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Val Asp
                85                  90                  95
Glu Gln Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Cys Ile Met Tyr Phe Gly Pro
            100                 105                 110
Ser Asn Asn Pro Arg Leu Thr Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val
        115                 120                 125
Asp Ala Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg
    130                 135                 140
Lys Gly Val Gly Lys Gly Thr Trp Asn Cys Val Asn Lys Leu Ala Asp
145                 150                 155                 160
```

```
Glu Leu Arg Glu Lys Lys Ile Lys Met Ala Phe Phe Ser Ser Thr Pro
                165                 170                 175
Gln Gly Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Leu
            180                 185                 190
Asn Leu Leu Asp Val Asp Cys Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro
        195                 200                 205
Thr Val Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val
    210                 215                 220
Ala Asp Pro Asn Leu Arg Leu Thr Lys Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp
225                 230                 235                 240
Ala Trp Ile Leu Lys Asn Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro
                245                 250                 255
Leu Ala Pro Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met
            260                 265                 270
Pro Gly Leu Ile Pro Leu Ile Arg Arg Val Arg Pro Asp Leu Pro Ile
        275                 280                 285
Ile Tyr Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Val Ala
    290                 295                 300
Gly Ser Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln
305                 310                 315                 320
His Ala Asp Met Phe Ile Ser His Pro Val Asn Lys Phe Val Pro Ser
                325                 330                 335
Asp Val Pro Thr Asp Lys Leu Ala Leu Leu Gly Ala Ala Thr Asp Trp
            340                 345                 350
Leu Asp Gly Leu Asn Lys Pro Leu Asp Gln Trp Asp Leu Gln Tyr Tyr
        355                 360                 365
Met Gly Glu Phe Arg Ser Leu Cys Val Lys Glu Lys Met Thr Glu Leu
    370                 375                 380
Gly Trp Pro Ala Arg Glu Tyr Ile Val Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro
385                 390                 395                 400
Ser Lys Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Lys
                405                 410                 415
Leu Leu Ala Glu Lys Glu Pro Asp Ile Glu Pro Pro Gln Met Leu Ile
            420                 425                 430
Cys Gly His Gly Ala Val Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp
        435                 440                 445
Gln Thr Met Gln Leu Ile His Asn Lys Tyr Ala Gln Tyr Ala Gly Asp
    450                 455                 460
Phe Val Val Met Arg Cys Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asn Ala Leu
465                 470                 475                 480
Met Glu Asn Ser Lys Phe Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
                485                 490                 495
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Leu His Ala Gly Lys Pro Val Ile Ala
            500                 505                 510
Ser Arg Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Ile Glu His Gly Lys Ser Gly
        515                 520                 525
Tyr Leu Cys Glu Pro Gly Asp Asn Ala Ala Val Ala Gln His Met Phe
    530                 535                 540
Asp Leu Tyr Thr Asp Asp Asp Leu Phe Asp Gln Met Ser Glu Tyr Ala
545                 550                 555                 560
Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Ser Thr Val Gly Asn Ala Thr Ala
                565                 570                 575
Trp Met Tyr Leu Ala Val Met Tyr Cys Ser Arg Gly Val Arg Leu Gln
            580                 585                 590
```

Pro Asn Gly Ala Trp Leu Asn Asp Leu Met Arg Thr Glu Cys Gly Glu
595 600 605
Pro Tyr Gln Pro Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Leu Asn Val
610 615 620
Gln Gly
625

<210> 193
<211> 735
<212> PRT
<213> Hypsizygus marmoreus

<220>
<223> >KYQ39707.1 Trehaloza phosphorylaza [Hypsizygus marmoreus]

<400> 193
Met Ala Pro Tyr His Gln Phe Glu Ser Lys Pro Ser Leu Ala Met Arg
1 5 10 15
Arg Arg Leu Ser Ser Ser Val Ser Thr Arg Pro Glu Val Thr Ala Thr
20 25 30
Phe Ala Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly Ile Ala Gly Asn Pro Ile
35 40 45
Ser Asn Asn Thr His Tyr Glu Ile Ala Ile Ser Ile His Asp Ser Val
50 55 60
Tyr Ser Thr Asp Phe Ser Ser Thr Val Ile Ser Tyr Phe Pro Asp Glu
65 70 75 80
Pro Glu Lys Thr Ala Lys Ser Ile Gln Ala His Val Leu Glu Thr Leu
85 90 95
Arg Lys Phe Ser Lys Glu His Leu Cys Lys Phe Leu Gly Ala Gly Val
100 105 110
Thr Leu Ser Leu Leu Arg Glu Ala Pro Asn Leu Cys Thr Arg Leu Trp
115 120 125
Leu Asp Met Asp Ile Val Pro Ile Val Phe Asn Ile Lys Pro Tyr His
130 135 140
Thr Asp Ser Ile Thr Arg Pro Asn Ile Lys His Arg Ile Ser Ser Thr
145 150 155 160
Thr Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu Thr Pro Thr Val Tyr Ile
165 170 175
Asp Ser Ala Gln Leu Thr Ala Ala Gly Leu Leu Pro Thr Gly Leu Ser
180 185 190
Asp Arg Leu Pro Ile Pro Arg Thr Leu Asp Glu Gln Ala Asp Ser Ala
195 200 205
Ala Arg Lys Cys Ile Met Tyr Phe Gly Pro Asn Asn Asn Pro Arg Leu
210 215 220
Ser Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Thr Val Asp Ala Ala Gly Lys Ile
225 230 235 240
His Leu Ile Asp Asp Leu Asp Glu Tyr Lys Lys Thr Val Gly Pro Gly
245 250 255
Thr Trp Asn Ala Val Val Lys Leu Ala Asp Glu Leu Arg Glu Lys Lys
260 265 270
Val Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly Gly Gly Val Ala
275 280 285
Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Leu Thr Ala Leu Asp Val Asp

```
    290                 295                 300
Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val Phe Arg Thr Thr
305                 310                 315                 320
Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Pro Pro Asp Leu Arg
                325                 330                 335
Leu Thr Lys Glu Ala Lys Glu Asn Phe Asp Ala Trp Ile Leu Lys Asn
            340                 345                 350
Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala Pro Gly Gly Val
        355                 360                 365
Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Pro Gly Leu Ile Pro Leu
    370                 375                 380
Ile Lys Arg Val Arg Pro Gly Met Pro Ile Val Tyr Arg Ser His Ile
385                 390                 395                 400
Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Val Pro Gly Ser Pro Gln Glu Glu
                405                 410                 415
Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Lys Leu Ala Asp Leu Phe Ile
            420                 425                 430
Ser His Pro Val Ser Lys Phe Val Pro Ser Asp Val Pro Glu Ala Lys
        435                 440                 445
Leu Ala Leu Leu Gly Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp Gly Leu Asn Lys
    450                 455                 460
His Leu Asp Pro Trp Asp Ala Gln Phe Tyr Met Gly Glu Phe Arg Ser
465                 470                 475                 480
Leu Cys Ala Lys Glu Lys Met Asn Glu Leu Gln Trp Pro Gln Arg Asp
                485                 490                 495
Tyr Val Ile Gln Val Ala Arg Phe Asp Pro Ala Lys Gly Ile Pro Asn
            500                 505                 510
Val Ile Asp Ser Tyr Cys Lys Phe Arg His Leu Leu Thr Gln Pro Pro
        515                 520                 525
Val Leu Thr Ser Asp Glu Tyr Pro Gln Leu Leu Ile Cys Gly His Gly
    530                 535                 540
Ala Val Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp Gln Val Met Gln
545                 550                 555                 560
Leu Ile Asn Ser Glu Lys Tyr Ala Glu Tyr Ala Gln Asp Ile Val Val
                565                 570                 575
Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asn Ala Leu Met Ala Asn
            580                 585                 590
Ala Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe Glu Val Lys
        595                 600                 605
Val Ser Glu Ala Val His Ala Gly Ile Pro Val Ile Ala Ser Gln Thr
    610                 615                 620
Gly Gly Ile Pro Leu Gln Val Glu His Gly Lys Ser Gly Tyr Leu Thr
625                 630                 635                 640
Ala Pro Gly Asp Asn Ala Ala Val Ala Gln His Leu Tyr Glu Leu Tyr
                645                 650                 655
Thr Asp Glu Gly Leu Tyr Arg Arg Ile Ser Ala Tyr Ala Lys Thr His
            660                 665                 670
Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala Trp Leu Tyr
        675                 680                 685
Leu Ala Val Met Tyr His Arg Gly Val Lys Ile Arg Pro Gln Gly Ala
    690                 695                 700
Trp Leu Asn Asp Met Leu Arg Glu Glu Thr Gly Glu Ala Tyr Val Glu
705                 710                 715                 720
Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Leu Val Val Gln Gly Asn
```

725 730 735

<210> 194
<211> 735
<212> PRT
<213> Trametes versicolor

<220>
<223> >XP_008036133.1 trehaloza syntaza [Trametes versicolor FP-101664 SS1] >EIW60750.1 trehaloza syntaza [Trametes versicolor FP-101664 SS1]

<400> 194
Met Ala Pro Ser Ser Pro His His Gln Phe Gln Ser Lys Thr Ser Asp
1 5 10 15
Ala Ile Arg Arg Arg Leu Ser Ser Val Val Ser Ser Lys Arg Pro Asn
20 25 30
Val Gln Ala Tyr Ser Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly Ile Ala Gly
35 40 45
Thr Val Ile Asn Asn Asn Thr Ala Leu Glu Leu Ala Ile Ser Ile His
50 55 60
Asp Ser Val Tyr Asn Thr Asp Phe Ala Ser Ser Thr Val Pro Tyr Asn
65 70 75 80
Pro Asn Asn Pro Glu Glu Gln Ala Ser Asn Val Glu Lys His Val Leu
85 90 95
Glu Leu Leu Arg Lys Phe Ala Thr Glu His Met Cys Lys Phe Leu Gly
100 105 110
Ala Gly Val Thr Val Ser Leu Leu Arg Glu Ala Pro Asn Leu Cys Thr
115 120 125
Arg Leu Trp Phe Asp Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe Asn Ile Lys
130 135 140
Pro Phe His Thr Asp Ser Val Thr Arg Pro Asn Ile Lys His Arg Ile
145 150 155 160
Ser Ser Thr Thr Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu Thr Pro Thr
165 170 175
Val Tyr Tyr Asp Pro Ala Gln Leu Pro Ala Gly Gln Ala Asn Val Thr
180 185 190
Ala Thr Gln Asn Lys Leu Pro Ile Pro Arg Thr Val Asp Glu Gln Ala
195 200 205
Asp Ser Ala Ala Arg Lys Cys Ile Met Tyr Phe Gly Pro Gly Asn Asn
210 215 220
Pro Arg Leu Ser Ile Gly Ala Arg Asn Gln Val Thr Val Asp Ala Gly
225 230 235 240
Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Gly Asn
245 250 255
Ser Lys Gly Thr Trp Asn Ser Val Ile Lys Leu Ala Asp Glu Leu Arg
260 265 270
Glu Lys Lys Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly Gly
275 280 285
Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Leu Asn Leu Leu
290 295 300
Asp Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val Phe
305 310 315 320

```
Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Asp Pro
                325                 330                 335
Asn Leu Arg Leu Ser Lys Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp Ile
            340                 345                 350
Leu Lys Asn Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala Pro
        355                 360                 365
Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Pro Gly Leu
    370                 375                 380
Ile Pro Leu Ile Lys Arg Val Arg Pro Asp Leu Pro Ile Ile Tyr Arg
385                 390                 395                 400
Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Val Ala Gly Ser Pro
                405                 410                 415
Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln His Ala Asp
            420                 425                 430
Leu Phe Ile Ser His Pro Val Asn Lys Phe Val Pro Ser Asp Val Pro
        435                 440                 445
Pro Glu Lys Leu Thr Leu Leu Gly Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp Gly
    450                 455                 460
Leu Asn Lys Pro Leu Gly Asp Trp Asp Leu Gln Tyr Tyr Met Gly Glu
465                 470                 475                 480
Phe Arg Gln Leu Cys Val Lys Glu Lys Met Asn Glu Leu Gly Trp Pro
                485                 490                 495
Leu Arg Asp Tyr Ile Val Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ser Lys Gly
            500                 505                 510
Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Lys Leu Leu Ala
        515                 520                 525
Glu Lys Glu Pro Ala Thr Glu Pro Pro Gln Met Leu Ile Cys Gly His
    530                 535                 540
Gly Ala Val Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp Glu Thr Met
545                 550                 555                 560
Gln Leu Ile His Thr Lys Tyr Ala Glu Tyr Ala Lys Asp Phe Val Val
                565                 570                 575
Met Arg Cys Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asn Ala Leu Met Glu Asn
            580                 585                 590
Ser Lys Phe Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe Glu Val Lys
        595                 600                 605
Val Ser Glu Ala Leu His Ala Gly Lys Pro Val Ile Ala Ser Arg Thr
    610                 615                 620
Gly Gly Ile Pro Leu Gln Ile Glu His Gly Lys Ser Gly Tyr Leu Cys
625                 630                 635                 640
Glu Pro Gly Asp Asn Ala Ala Val Ala Ser His Met Phe Asp Leu Tyr
                645                 650                 655
Thr Asp Asp Asp Leu Phe Asp Thr Met Ser Glu Tyr Ala Arg Thr His
            660                 665                 670
Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala Trp Met Tyr
        675                 680                 685
Leu Ala Val Met Tyr Cys Ser Arg Gly Val Arg Leu Gln Pro Lys Gly
    690                 695                 700
Ala Trp Leu Asn Asp Leu Met Arg Thr Glu Cys Gly Glu Pro Tyr Ala
705                 710                 715                 720
Pro Asn Glu Pro Arg Leu Pro Arg Ala Gly Leu Asn Val Gln Gly
                725                 730                 735
```

<210> 195

<211> 739
<212> PRT
<213> Pleurotus pulmonarius

<220>
<223> >A6YRN9.1 Tên ghi nhận: Đầy đủ=Trehaloza phosphorylaza; Tên khác: Đầy đủ=Trehaloza syntaza; Tắt=TSaza; Cờ: Tiền chất
>ABR88135.1 trehaloza phosphorylaza [Pleurotus pulmonarius]

<400> 195

Met	Ser	Thr	Pro	His	His	Gln	Phe	Glu	Ser	Lys	Ser	Ser	Thr	Ala	Ile
1				5				10						15	
Arg	Arg	Arg	Leu	Ser	Ser	Ser	Val	Ser	Ser	Lys	Gln	Arg	Pro	Asn	Ile
			20					25					30		
Met	Thr	Thr	Thr	Phe	Ala	Ser	Leu	Thr	Pro	Met	Trp	Ala	Gly	Val	Ala
		35					40					45			
Gly	Thr	Leu	Val	Asn	Asn	Asn	Thr	Gln	Tyr	Glu	Ile	Ala	Val	Thr	Val
	50					55					60				
His	Asp	Gly	Val	Tyr	Ser	Thr	Asp	Phe	Ala	Ser	Val	Ile	Ile	Pro	Val
65					70					75					80
Thr	Pro	Gly	Asp	Thr	Val	Lys	Asn	Ser	Lys	Asp	Ile	Glu	Ala	Gln	Val
				85					90					95	
Leu	Asn	Leu	Ile	Arg	Lys	Phe	Ser	Ala	Glu	His	Leu	Cys	Lys	Phe	Leu
			100					105					110		
Gly	Ala	Gly	Ile	Thr	Leu	Ala	Leu	Leu	Lys	Glu	Cys	Pro	Asn	Leu	Cys
		115					120					125			
Thr	Arg	Leu	Trp	Leu	Asp	Met	Asp	Ile	Val	Pro	Ile	Val	Phe	Asn	Ile
	130					135					140				
Lys	Pro	Phe	His	Thr	Asp	Ser	Val	Thr	Arg	Pro	Asn	Ile	Lys	His	Arg
145					150					155					160
Ile	Ser	Ser	Thr	Thr	Gly	Ser	Tyr	Val	Pro	Ser	Gly	Ser	Glu	Thr	Pro
				165					170					175	
Thr	Val	Tyr	Val	Glu	Ala	Ser	His	Leu	Asp	Asp	Pro	Ser	His	Leu	Ser
			180					185					190		
Pro	Asn	Ala	Ala	Gln	Lys	Leu	Pro	Ile	Pro	Arg	Thr	Leu	Asp	Glu	Gln
		195					200					205			
Ser	Asp	Ser	Ala	Ala	Arg	Lys	Cys	Leu	Met	Tyr	Phe	Gly	Pro	Asn	Asn
	210					215					220				
Asn	Pro	Arg	Leu	Ser	Ile	Gly	Ala	Arg	Asn	Gln	Val	Thr	Val	Asp	Ala
225					230					235					240
Gly	Gly	Lys	Ile	His	Leu	Ile	Asp	Asp	Leu	Glu	Glu	Tyr	Arg	Glu	Thr
				245					250					255	
Val	Gly	Ala	Gly	Thr	Trp	Asn	Ala	Val	Ile	Lys	Leu	Ala	Asp	Glu	Leu
			260					265					270		
Arg	Glu	Lys	Lys	Val	Lys	Ile	Gly	Phe	Phe	Ser	Ser	Thr	Pro	Gln	Gly
		275					280					285			
Gly	Gly	Val	Ala	Leu	Met	Arg	His	Ala	Leu	Ile	Arg	Phe	Leu	Thr	Ala
	290					295					300				
Leu	Asp	Val	Asp	Val	Ala	Trp	Tyr	Val	Pro	Asn	Pro	Ser	Pro	Gln	Val
305					310					315					320
Phe	Arg	Thr	Thr	Lys	Asn	Asn	His	Asn	Ile	Leu	Gln	Gly	Val	Ala	Ala
				325					330					335	
Pro	Asp	Leu	Arg	Leu	Thr	Gln	Glu	Ala	Lys	Asp	Ala	Phe	Asp	Ala	Trp

```
            340                 345                 350
Ile Leu Lys Asn Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala
        355                 360                 365
Pro Gly Gly Val Asp Val Val Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Pro Gly
    370                 375                 380
Leu Ile Pro Leu Ile Lys Lys Val Arg Pro Glu Val Pro Ile Val Tyr
385                 390                 395                 400
Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Val Ala Gly Ser
                405                 410                 415
Pro Gln Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Leu Ala
            420                 425                 430
Asp Leu Phe Ile Ser His Pro Val Ser Lys Phe Val Pro Ser Asp Val
        435                 440                 445
Pro Thr Glu Lys Leu Ala Leu Leu Gly Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp
    450                 455                 460
Gly Leu Asn Lys Asp Leu Asp Pro Trp Asp Ser Gln Phe Tyr Met Gly
465                 470                 475                 480
Glu Phe Arg Ser Pro Cys Ala Lys Glu Lys Met His Glu Leu Asn Trp
                485                 490                 495
Pro Ala Arg Asp Tyr Ile Val Gln Val Ala Arg Phe Asp Pro Ser Lys
            500                 505                 510
Gly Ile Pro Asn Val Val Asp Ser Tyr Tyr Lys Phe Arg Asn Leu Leu
        515                 520                 525
Arg Thr Arg Ser Pro Asp Met Asp Glu Ser Glu His Pro Gln Leu Leu
    530                 535                 540
Ile Cys Gly His Gly Ala Val Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr
545                 550                 555                 560
Asp Gln Ile Met Ala Leu Val Asn Ser Asp Pro Tyr Lys Glu Tyr Ala
                565                 570                 575
His Asp Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Glu Leu Leu Asn
            580                 585                 590
Ala Met Met Ala Asn Ser Arg Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu
        595                 600                 605
Gly Phe Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Leu His Thr Gly Lys Pro Val
    610                 615                 620
Ile Ala Cys Arg Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Ile Gln His Gly Lys
625                 630                 635                 640
Ser Gly Tyr Leu Thr Thr Pro Gly Asp Asn Asp Ala Val Ala Gly His
                645                 650                 655
Leu Tyr Asp Leu Tyr Thr Asp Glu Ala Leu Tyr Arg Lys Met Ser Asp
            660                 665                 670
Phe Ala Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala
        675                 680                 685
Ala Ala Trp Leu Tyr Leu Ala Val Met Tyr Ser Arg Gly Glu Lys Ile
    690                 695                 700
Lys Pro Asn Gly Ala Trp Ile Asn Asp Leu Leu Arg Glu Glu Thr Gly
705                 710                 715                 720
Glu Pro Tyr Lys Glu Gly Glu Thr Lys Leu Pro Arg Thr Lys Leu Asp
                725                 730                 735
Met Gln Gly
```

<210> 196
<211> 737

<212> PRT
<213> Agaricus bisporus

<220>
<223> >XP_006458503.1 protein giả thiết AGABI2DRAFT_190782 [Agaricus bisporus var. bisporus H97] >EKV50461.1 protein giả thiết AGABI2DRAFT_190782 [Agaricus bisporus var. bisporus H97]

<400> 196
Met Ala His Thr Ala His Pro Phe Ser Ser Val Pro Ser Ala Ala Val
1 5 10 15
Arg Arg Arg Leu Ser Ser Ser Val Ser Ala Lys Lys Pro Leu Val Thr
20 25 30
Ala Thr Phe Ser Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly Val Ala Gly Val
35 40 45
Ile Ile Asn Asn Asn Thr Glu Phe Glu Val Ala Val Ser Val His Asp
50 55 60
Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Val Val Leu Pro Tyr Asp Pro
65 70 75 80
Asn Asp Pro Glu Lys Asn Ala Lys Thr Ile Glu Gln Tyr Ile Leu Gln
85 90 95
Val Leu Arg Arg Phe Ser Val Glu His Leu Cys Lys Phe Leu Gly Ala
100 105 110
Gly Val Thr Leu Thr Leu Leu Arg Glu Val Pro Asn Val Cys Thr Arg
115 120 125
Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Phe Val Phe Asn Ile Lys Gln
130 135 140
Tyr His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys His Arg Ile Ser
145 150 155 160
Ser Thr Thr Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu Thr Pro Thr Val
165 170 175
Tyr Val Asp Ser Ala His Leu Lys Ala Met Ser Gly Leu Gln Thr Gly
180 185 190
Val Ser Gly Arg Leu Pro Ile Gln Arg Thr Leu Asp Glu Gln Ala Asp
195 200 205
Ser Ala Ala Arg Lys Cys Leu Met Asn Phe Gly Pro Gly Asn Asn Pro
210 215 220
Arg Leu Asn Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Leu Val Asp Asp Gly Gly
225 230 235 240
Arg Val His Leu Leu Asp Asp Leu Asp Glu Tyr Arg Asn Thr Val Gly
245 250 255
Pro Arg Thr Trp Asn Ala Val Ile Lys Leu Ala Asp Glu Leu Arg Glu
260 265 270
Lys Lys Val Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly Gly Gly
275 280 285
Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Leu Thr Ala Leu Asp
290 295 300
Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ala Val Phe Arg
305 310 315 320
Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ala Pro Asp
325 330 335
Leu Arg Leu Thr Glu Glu Ala Arg Asp Ala Phe Asp Ala Trp Ile Leu
340 345 350

```
Lys Asn Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala Arg Gly
        355                 360                 365
Gly Val Asp Val Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Pro Gly Leu Ile
    370                 375                 380
Pro Leu Ile Lys Lys Ile Arg Pro Glu Leu Pro Ile Val Tyr Arg Ser
385                 390                 395                 400
His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Val Pro Gly Ser Pro Gln
                405                 410                 415
Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Lys Asn Ile Gln Leu Ala Asp Leu
            420                 425                 430
Phe Ile Ser His Pro Val Ser Lys Phe Val Pro Gln Asp Val Pro Leu
        435                 440                 445
Glu Lys Val Ala Leu Leu Gly Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp Gly Leu
    450                 455                 460
Asn Lys Asp Leu Asp Pro Trp Asp Ser Gln Tyr Tyr Met Gly Glu Phe
465                 470                 475                 480
Arg Ala Leu Cys Ala Arg Glu Arg Met Leu Glu Leu Arg Trp Pro Gln
                485                 490                 495
Arg Asp Tyr Ile Ile Gln Val Ala Arg Phe Asp Pro Ser Lys Gly Ile
            500                 505                 510
Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Val Lys Phe Arg Glu Leu Leu Lys Leu
        515                 520                 525
Lys Ser Pro Glu Leu Asp Asp Glu Asp His Pro Gln Leu Leu Val Cys
    530                 535                 540
Gly His Gly Ala Val Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp Gln
545                 550                 555                 560
Ile Met Gln Ile Ile Asn Ser Glu Gln Tyr Glu Ala Tyr Ala Lys Asp
                565                 570                 575
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asn Ser Leu
            580                 585                 590
Met Ser Asn Ala Lys Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
        595                 600                 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Leu His Thr Gly Lys Pro Val Ile Ala
    610                 615                 620
Ser Arg Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Ile Glu His Gly Lys Ser Gly
625                 630                 635                 640
Tyr Leu Cys Thr Pro Gly Asp Asn Glu Ala Val Ala Gly His Leu Tyr
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Glu Ile Leu Tyr Lys Thr Met Ser Asp Tyr Ala
            660                 665                 670
Lys Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Thr Ala Ala
        675                 680                 685
Trp Leu Tyr Leu Ala Val Met Tyr Asn Arg Gly Ile Lys Ile Lys Pro
    690                 695                 700
Asn Gly Ala Trp Leu Asn Asp Leu Leu Arg Thr Glu Thr Gly Glu Asp
705                 710                 715                 720
Tyr Glu Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Leu Lys Met Gln
                725                 730                 735
Gly
```

<210> 197
<211> 737
<212> PRT

<213> Agaricus bisporus

<220>
<223> >XP_007326883.1 protein giả thiết AGABI1DRAFT_111552 [Agaricus bisporus var. burnettii JB137-S8] >EKM83027.1 protein giả thiết AGABI1DRAFT_111552 [Agaricus bisporus var. burnettii JB137-S8]

<400> 197

```
Met Ala His Thr Ala His Pro Phe Tyr Ser Val Pro Ser Ala Ala Val
1               5                  10                  15
Arg Arg Arg Leu Ser Ser Ser Val Ser Ala Lys Lys Pro Leu Val Thr
            20                  25                  30
Ala Thr Phe Ser Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly Val Ala Gly Val
        35                  40                  45
Ile Ile Asn Asn Asn Thr Glu Phe Glu Val Ala Val Ser Val His Asp
    50                  55                  60
Ser Val Tyr Ser Thr Asp Phe Ala Ser Val Val Leu Pro Tyr Asp Pro
65                  70                  75                  80
Asn Asp Pro Glu Lys Asn Ala Lys Thr Ile Glu Gln Tyr Ile Leu Gln
                85                  90                  95
Val Leu Arg Arg Phe Ser Val Glu His Leu Cys Lys Phe Leu Gly Ala
            100                 105                 110
Gly Val Thr Leu Thr Leu Leu Arg Glu Val Pro Asn Val Cys Thr Arg
        115                 120                 125
Leu Trp Leu Asp Leu Asp Ile Val Pro Phe Val Phe Asn Ile Lys Gln
    130                 135                 140
Tyr His Thr Asp Ser Leu Thr Arg Pro Asn Ile Lys His Arg Leu Ser
145                 150                 155                 160
Ser Ala Thr Gly Ser Tyr Val Ala Ser Gly Ala Glu Thr Pro Thr Val
                165                 170                 175
Tyr Val Asp Ser Ala His Leu Lys Ala Met Ser Gly Leu Gln Thr Gly
            180                 185                 190
Val Ser Gly Arg Leu Pro Ile Gln Arg Thr Leu Asp Glu Gln Ala Asp
        195                 200                 205
Ser Ala Ala Arg Lys Cys Leu Met Asn Phe Gly Pro Gly Asn Asn Pro
    210                 215                 220
Arg Leu Asn Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Leu Val Asp Asp Gly Gly
225                 230                 235                 240
Arg Val His Leu Leu Asp Asp Leu Asp Glu Tyr Arg Asn Thr Val Gly
                245                 250                 255
Pro Arg Thr Trp Asn Ala Val Ile Lys Leu Ala Asp Glu Leu Arg Glu
            260                 265                 270
Lys Lys Val Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly Gly Gly
        275                 280                 285
Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Leu Thr Ala Leu Asp
    290                 295                 300
Val Asp Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ala Val Phe Arg
305                 310                 315                 320
Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Ala Pro Asp
                325                 330                 335
Leu Arg Leu Thr Glu Glu Ala Arg Asp Ala Phe Asp Ala Trp Ile Leu
            340                 345                 350
```

```
Lys Asn Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala Arg Gly
        355                 360                 365
Gly Val Asp Val Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Pro Gly Leu Ile
    370                 375                 380
Pro Leu Ile Lys Lys Ile Arg Pro Glu Leu Pro Ile Val Tyr Arg Ser
385                 390                 395                 400
His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Val Pro Gly Ser Pro Gln
                405                 410                 415
Glu Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Lys Asn Ile Gln Leu Ala Asp Leu
            420                 425                 430
Phe Ile Ser His Pro Val Ser Lys Phe Val Pro Gln Asp Val Pro Leu
        435                 440                 445
Glu Lys Val Ala Leu Leu Gly Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp Gly Leu
    450                 455                 460
Asn Lys Asp Leu Asp Pro Trp Asp Ser Gln Tyr Tyr Met Gly Glu Phe
465                 470                 475                 480
Arg Ala Leu Cys Ala Arg Glu Arg Met Leu Glu Leu Arg Trp Pro Gln
                485                 490                 495
Arg Asp Tyr Ile Ile Gln Val Ala Arg Phe Asp Pro Ser Lys Gly Ile
            500                 505                 510
Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Val Lys Phe Arg Glu Leu Leu Lys Leu
        515                 520                 525
Lys Ser Pro Glu Leu Glu Asp Glu Asp His Pro Gln Leu Leu Val Cys
    530                 535                 540
Gly His Gly Ala Val Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp Gln
545                 550                 555                 560
Ile Met Gln Ile Val Asn Ser Glu Pro Tyr Glu Ala Tyr Ala Lys Asp
                565                 570                 575
Ile Val Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asn Ser Leu
            580                 585                 590
Met Ser Asn Ala Lys Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe
        595                 600                 605
Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Leu His Thr Gly Lys Pro Val Ile Ala
    610                 615                 620
Ser Arg Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Ile Glu His Gly Lys Ser Gly
625                 630                 635                 640
Tyr Leu Cys Thr Pro Gly Asp Asn Glu Ala Val Ala Gly His Leu Tyr
                645                 650                 655
Asp Leu Tyr Thr Asp Glu Ile Leu Tyr Lys Thr Met Ser Asp Tyr Ala
            660                 665                 670
Lys Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Thr Ala Ala
        675                 680                 685
Trp Leu Tyr Leu Ala Val Met Tyr Asn Arg Gly Ile Lys Ile Lys Pro
    690                 695                 700
Asn Gly Ala Trp Leu Asn Asp Leu Leu Arg Thr Glu Thr Gly Glu Asp
705                 710                 715                 720
Tyr Glu Glu Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Gly Leu Lys Met Gln
                725                 730                 735
Gly
```

<210> 198
<211> 733
<212> PRT

<213> Laetiporus sulphureus

<220>
<223> >KZT11205.1 hq glycosyltransferaza 4 protein [Laetiporus sulphureus 93-53]

<400> 198

```
Met Ala Pro Pro His Ser Phe Thr Ser Lys Pro Ser Val Ala Thr Arg
1               5                  10                  15
Arg Arg Leu Ser Ser Val Val Thr Pro Asn Arg Pro Asn Val Pro Gly
            20                  25                  30
Phe Thr Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly Ile Ala Gly Thr Ile Ile
        35                  40                  45
Asn Asp Asn Thr Ala Phe Glu Val Ala Ile Ser Ile His Asp Ser Val
    50                  55                  60
Tyr Cys Thr Asp Phe Ala Ser Ser Val Val Pro Tyr Asp Ala Thr Asp
65                  70                  75                  80
Pro Glu Lys Gln Ser Val Ala Ile Glu Lys His Val Leu Asp Thr Leu
                85                  90                  95
Arg Lys Phe Ser Asn Glu His Leu Cys Lys Phe Leu Gly Ala Gly Val
            100                 105                 110
Thr Leu Ser Leu Leu Arg Glu Ala Pro Asn Leu Cys Thr Arg Leu Trp
        115                 120                 125
Leu Glu Met Asp Ile Val Pro Ile Val Phe Asn Ile Lys Pro Tyr His
    130                 135                 140
Thr Asp Ser Ile Thr Arg Pro Asn Val Lys His Arg Ile Ser Ser Thr
145                 150                 155                 160
Thr Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu Thr Pro Thr Val Tyr Val
                165                 170                 175
Asp Ala Ser Gln Leu Gln Asp Gln Ser Lys Leu Thr Thr Gly Ala Gln
            180                 185                 190
Gln Arg Leu Pro Ile Pro Arg Thr Val Asp Glu Gln Ala Asp Ser Ala
        195                 200                 205
Ala Arg Lys Cys Ile Met Tyr Phe Gly Pro Gly Asn Asn Pro Arg Leu
    210                 215                 220
Ser Ile Ala Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ser Gly Gly Lys Ile
225                 230                 235                 240
His Leu Ile Asp Asp Leu Asp Glu Tyr Arg Lys Thr Val His Lys Gly
                245                 250                 255
Thr Trp Asn Ala Val Ile Lys Leu Ala Asp Glu Leu Arg Glu Lys Lys
            260                 265                 270
Ile Arg Phe Ala Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly Gly Gly Val Ala
        275                 280                 285
Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Phe Gln Ala Leu Asp Val Asp
    290                 295                 300
Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val Phe Arg Thr Thr
305                 310                 315                 320
Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Asp Pro Ser Leu Arg
                325                 330                 335
Leu Thr Gln Asp Gln Lys Glu Asn Phe Asp Ala Trp Ile Leu Lys Asn
            340                 345                 350
Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala Lys Gly Gly Val
        355                 360                 365
```

```
Asp Ile Ala Phe Ile Val Asp Asp Pro Gln Met Pro Gly Leu Ile Pro
    370                 375                 380
Leu Ile Lys Arg Val Arg Pro Asp Met Pro Ile Val Tyr Arg Ser His
385                 390                 395                 400
Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val Ser Val Ala Gly Ser Pro Gln Glu
                405                 410                 415
Glu Val Trp Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln Tyr Ala Asp Met Phe
            420                 425                 430
Ile Ser His Pro Val Asn Lys Phe Val Pro Thr Asp Val Pro Leu Glu
        435                 440                 445
Lys Leu Ala Leu Leu Gly Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp Gly Leu Asn
    450                 455                 460
Lys His Leu His Pro Trp Asp Thr Gln Tyr Tyr Met Gly Glu Phe Arg
465                 470                 475                 480
Gln Leu Cys Ala Arg Glu Lys Met His Glu Leu Leu Trp Pro Val Arg
                485                 490                 495
Asp Tyr Val Val Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ser Lys Gly Ile Pro
            500                 505                 510
Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Arg Met Met Lys Ser Asn
        515                 520                 525
Ala Pro Asn Glu Asp Pro Pro Gln Leu Leu Val Cys Gly His Gly Ala
    530                 535                 540
Val Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp Gln Ile Ile Ala Leu
545                 550                 555                 560
Val Thr Gly Pro Tyr Lys Glu Tyr Glu Gln Asp Met Ile Val Met Arg
                565                 570                 575
Cys Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asn Val Leu Met Ala Asn Ser Arg
            580                 585                 590
Val Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe Glu Val Lys Val Ser
        595                 600                 605
Glu Ala Leu His Ala Gly Lys Pro Val Ile Ala Ser Arg Thr Gly Gly
    610                 615                 620
Ile Pro Leu Gln Ile Glu His Gly Lys Ser Gly Phe Leu Cys Asp Ala
625                 630                 635                 640
Gly Asp Asn Glu Ala Val Ala Lys His Met Phe Asp Leu Ile Thr Asn
                645                 650                 655
Glu Asp Leu Tyr Glu Glu Met Ser Glu Tyr Ala Arg Thr His Val Ser
            660                 665                 670
Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala Trp Met Tyr Leu Ala
        675                 680                 685
Val Met Tyr Cys Ser Arg Gly Val Lys Leu Gln Pro Lys Gly Ala Trp
    690                 695                 700
Val Asn Asp Met Met Arg Glu Glu Thr Gly Glu Pro Tyr Glu Pro Gly
705                 710                 715                 720
Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly His Ile His Val Gln Gly
                725                 730
```

<210> 199
<211> 736
<212> PRT
<213> Gloeophyllum trabeum

<220>

<223> >XP_007863746.1 trehaloza syntaza [Gloeophyllum trabeum ATCC 11539] >EPQ58616.1 trehaloza syntaza [Gloeophyllum trabeum ATCC 11539]

<400> 199

```
Met Ser Pro Thr Gln His Phe Gln Ser Lys Pro Pro Asp Ser Tyr Arg
1               5                  10                  15
Arg Arg Leu Ser Ser Val Ile Ser Arg Arg Arg Pro Asn Val Pro Gln
            20                  25                  30
Phe Ser Ser Leu Gln Ala Met Trp Ala Gly Ile Ala Gly Gly Val Val
        35                  40                  45
Asn Asn Asn Thr Gln Phe Glu Ile Ala Ile Ser Ile His Asp Ser Val
    50                  55                  60
Tyr Ala Thr Asp Tyr Ala Ser Met Gln Ile Pro Tyr Ser Pro Asn Gly
65                  70                  75                  80
Asp Asn Gly Asp Lys Ile Glu Gln Gln Ile Leu Ser Thr Leu Arg Lys
                85                  90                  95
Phe Ser Ala Asp His Leu Cys Lys Phe Leu Gly Ala Gly Val Thr Leu
            100                 105                 110
Ser Leu Leu Lys Glu Ala Pro Asn Leu Cys Thr Arg Leu Trp Leu Thr
        115                 120                 125
Leu Asp Ile Val Pro Ile Val Phe Asn Ile Lys Pro Tyr His Thr Asp
    130                 135                 140
Ser Val Thr Arg Pro Asn Ile Lys His Arg Leu Tyr Ser Gln Thr Gly
145                 150                 155                 160
Ser Phe Ala Pro Ser Gly Ala Asp Thr Pro Thr Val Tyr Val Asp Pro
                165                 170                 175
Thr Pro Leu Ala Lys Asn Asn Val Leu Ala Pro Gly Thr Ala Ala Asn
            180                 185                 190
Leu Gly Thr Pro Thr Thr Lys Gly Leu Pro Ile Pro Arg Thr Met Asp
        195                 200                 205
Glu Gln Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Cys Ile Met Tyr Phe Gly Pro
    210                 215                 220
Gly Asn Asn Pro Arg Leu Ser Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Leu Val
225                 230                 235                 240
Asp Ser Ala Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Leu Asp Glu Tyr Arg
                245                 250                 255
Lys Thr Val Ser Ser Gly Thr Trp Asn Ala Val Asn Lys Leu Ala Asp
            260                 265                 270
Glu Leu Arg Glu Lys Lys Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro
        275                 280                 285
Gln Gly Gly Gly Val Ala Leu Met Arg His Ala Leu Ile Arg Phe Leu
    290                 295                 300
Thr Leu Leu Asp Val Asp Ala Ser Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro
305                 310                 315                 320
Ser Val Phe Arg Thr Thr Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val
                325                 330                 335
Ala Ala Pro Ser Leu Arg Leu Thr Gln Asp Gln Lys Asp Asn Phe Asp
            340                 345                 350
Ala Trp Ile Gln Lys Asn Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro
        355                 360                 365
Leu Ala Gln Gly Gly Val Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met
    370                 375                 380
Pro Gly Leu Ile Pro Leu Ile Lys Gln Val Arg Pro Asp Met Pro Ile
```

```
385                 390                 395                 400
Ile Tyr Arg Ser His Ile Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Val Lys
                405                 410                 415
Gly Ser Pro Gln Glu Glu Val Trp Asn Tyr Leu Trp Lys Asn Ile Gln
            420                 425                 430
Leu Ala Asp Met Phe Ile Ser His Pro Val Lys Lys Phe Val Pro Ser
        435                 440                 445
Asp Val Pro Thr Glu Lys Leu Ala Phe Leu Gly Ala Ala Thr Asp Trp
    450                 455                 460
Leu Asp Gly Leu Asn Lys Pro Leu Asp Thr Trp Asp Ser Gln Tyr Tyr
465                 470                 475                 480
Met Gly Glu Phe Arg Ser Leu Cys Val Arg Glu Lys Met His Glu Leu
                485                 490                 495
Lys Trp Pro Ala Arg Glu Tyr Val Val Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro
            500                 505                 510
Ser Lys Gly Ile Pro Asn Val Ile Asp Ser Tyr Ala Lys Phe Arg Lys
        515                 520                 525
Met Leu Ala Glu Lys Thr Glu Leu Glu Glu Asp Ile Met Pro Gln Leu
    530                 535                 540
Leu Ile Cys Gly His Gly Ala Val Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile Ile
545                 550                 555                 560
Tyr Asp Gln Val Thr Gly Leu Ile His Ser Gln Tyr Ser Gln Tyr Ser
                565                 570                 575
Asn Asp Ile Ile Val Met Arg Leu Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu Asn
            580                 585                 590
Ala Leu Met Asp Asn Ala Lys Ile Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg Glu
        595                 600                 605
Gly Phe Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Leu His Thr Gly Lys Pro Val
    610                 615                 620
Val Ala Ser Arg Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Ile Glu His Gly Lys
625                 630                 635                 640
Ser Gly Tyr Leu Val Glu Val Gly Asp Asn Glu Thr Val Ala Lys His
                645                 650                 655
Leu Phe Asp Leu Tyr Thr Asp Glu Lys Leu Tyr Asp Thr Met Ser Glu
            660                 665                 670
Tyr Ala Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn Ala
        675                 680                 685
Ala Ala Trp Leu Tyr Leu Ala Met Met Tyr Cys Ser Arg Gly Glu Lys
    690                 695                 700
Val Lys Pro Asn Gly Ala Trp Leu Asn Asp Leu Met Arg Glu Val Thr
705                 710                 715                 720
Gly Glu Pro Tyr Ala Pro Asp Glu Pro Lys Leu Pro Arg Val Val Asn
                725                 730                 735
```

<210> 200
<211> 693
<212> PRT
<213> Grifola frondosa

<220>
<223> >OBZ75413.1 Trehaloza phosphorylaza [Grifola frondosa]

<400> 200

```
Met Ala Pro Pro His Gln Phe Gln Ser Lys Pro Ser Asp Val Ile Arg
1               5                  10                  15
Arg Arg Leu Ser Ser Ala Val Ser Ser Lys Arg Pro Asn Ile Pro Gly
            20                  25                  30
Tyr Thr Ser Leu Thr Pro Met Trp Ala Gly Ile Ala Gly Ala Val Val
        35                  40                  45
Asn Asn Asn Thr Gln Phe Glu Val Ala Ile Ser Ile His Asp Ser Val
    50                  55                  60
Tyr Asn Thr Asp Phe Ala Ser Ser Val Val Pro Tyr Ser Pro Asn Glu
65                  70                  75                  80
Pro Glu Ala Gln Ala Gly Ile Ile Glu Lys His Val Leu Glu Thr Leu
                85                  90                  95
Arg Lys Phe Ser Thr Glu His Met Cys Lys Phe Leu Gly Ala Gly Val
            100                 105                 110
Thr Val Ile Leu Leu Arg Glu Ala Pro Asn Leu Cys Thr Arg Leu Trp
        115                 120                 125
Leu Asp Met Asp Ile Val Pro Ile Val Phe Asn Ile Lys Pro Phe His
    130                 135                 140
Thr Asp Ser Ile Thr Arg Pro Asn Val Arg His Arg Ile Ser Ser Thr
145                 150                 155                 160
Thr Gly Ser Tyr Val Pro Ser Gly Ala Glu Thr Pro Thr Val Tyr Tyr
                165                 170                 175
Asp Pro Ala Gln Leu Gln Asp Pro Asn Lys Leu Ser Ala Asn Val Gln
            180                 185                 190
Thr Arg Leu Pro Ile Pro Arg Thr Val Asp Glu Gln Ala Asp Ser Ala
        195                 200                 205
Ala Arg Lys Cys Ile Met Tyr Phe Gly Pro Gly Asn Asn Pro Arg Leu
    210                 215                 220
Gln Ile Gly Pro Arg Asn Gln Val Ala Val Asp Ala Gly Gly Lys Ile
225                 230                 235                 240
His Leu Ile Asp Asp Ile Asp Glu Tyr Arg Lys Thr Val Gly Lys Gly
                245                 250                 255
Thr Trp Asn Ser Val Ile Lys Leu Ala Asp Glu Leu Arg Glu Lys Lys
            260                 265                 270
Ile Lys Ile Gly Phe Phe Ser Ser Thr Pro Gln Gly Gly Gly Val Ala
        275                 280                 285
Leu Met Arg His Ala Ile Ile Arg Phe Phe Thr Val Leu Asp Val Asp
    290                 295                 300
Ala Ala Trp Tyr Val Pro Asn Pro Ser Pro Ser Val Phe Arg Thr Thr
305                 310                 315                 320
Lys Asn Asn His Asn Ile Leu Gln Gly Val Ala Asp Pro Ser Leu Arg
                325                 330                 335
Leu Thr Lys Glu Ala Ala Asp Asn Phe Asp Ser Trp Ile Leu Lys Asn
            340                 345                 350
Gly Leu Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala Pro Gly Gly Val
        355                 360                 365
Asp Ile Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Pro Gly Leu Ile Pro Leu
    370                 375                 380
Ile Lys Arg Ile Arg Pro Asp Leu Pro Ile Ile Tyr Arg Ser His Ile
385                 390                 395                 400
Glu Ile Arg Ser Asp Leu Val His Val Lys Gly Ser Pro Gln Glu Glu
                405                 410                 415
```

```
Val Trp Asn Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln His Ser Asp Leu Phe Ile
            420                 425                 430
Ser His Pro Val Asn Lys Phe Val Pro Ser Asp Val Pro Leu Glu Lys
        435                 440                 445
Leu Ala Leu Leu Gly Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp Gly Leu Ser Lys
    450                 455                 460
His Leu Asp Ala Trp Asp Ala Gln Tyr Tyr Met Gly Ser Ser Ala Thr
465                 470                 475                 480
Tyr Arg Ser Leu Arg Pro Val Gln Gly Tyr Pro Glu Arg Asp Arg Leu
                485                 490                 495
Leu Leu Leu Cys Gly His Gly Ala Val Asp Asp Pro Asp Ala Ser Ile
            500                 505                 510
Ile Tyr Asp Gln Val Leu Gln Leu Ile His Ala Lys Tyr Lys Glu Tyr
        515                 520                 525
Ala Pro Asp Ile Val Val Met Arg Cys Pro Pro Ser Asp Gln Leu Leu
    530                 535                 540
Asn Thr Leu Met Ala Asn Ala Lys Phe Ala Leu Gln Leu Ser Thr Arg
545                 550                 555                 560
Glu Gly Phe Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Leu His Ala Gly Lys Pro
                565                 570                 575
Val Ile Ala Cys Arg Thr Gly Gly Ile Pro Leu Gln Ile Glu His Gly
            580                 585                 590
Lys Ser Gly Tyr Leu Cys Glu Pro Gly Asp Asn Ala Ala Val Ala Gln
        595                 600                 605
His Met Leu Asp Leu Tyr Thr Asp Glu Asp Leu Tyr Asp Thr Met Ser
    610                 615                 620
Glu Tyr Ala Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val Gly Thr Val Gly Asn
625                 630                 635                 640
Ala Ala Ala Trp Met Tyr Leu Ala Val Met Tyr Val Ser Arg Gly Val
                645                 650                 655
Lys Leu Arg Pro His Gly Ala Trp Ile Asn Asp Leu Met Arg Thr Glu
            660                 665                 670
Met Gly Glu Pro Tyr Arg Ala Gly Glu Pro Arg Leu Pro Arg Gly Glu
        675                 680                 685
Leu His Val Gln Gly
    690
```

<210> 201
<211> 650
<212> PRT
<213> Trametes pubescens

<220>
<223> >OJT04097.1 Trehaloza phosphorylaza [Trametes pubescens]

<400> 201

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

```
    50                  55                  60
His Met Cys Lys Phe Leu Gly Ala Gly Val Thr Val Ser Leu Leu Arg
65                  70                  75                  80
Glu Ala Pro Asn Leu Cys Thr Arg Leu Trp Phe Asp Leu Asp Ile Val
                85                  90                  95
Pro Ile Val Phe Asn Ile Lys Pro Phe His Thr Asp Ser Val Thr Arg
            100                 105                 110
Pro Asn Ile Lys His Arg Ile Ser Ser Thr Thr Gly Ser Tyr Val Pro
        115                 120                 125
Ser Gly Ala Glu Thr Pro Thr Val Tyr Tyr Asp Pro Ala Gln Leu Pro
    130                 135                 140
Ala Gly Gln Ala Asn Val Ala Ala Thr Gln Asn Lys Leu Pro Ile Pro
145                 150                 155                 160
Arg Thr Val Asp Glu Gln Ala Asp Ser Ala Ala Arg Lys Cys Ile Met
                165                 170                 175
Tyr Phe Gly Pro Gly Asn Asn Pro Arg Leu Ser Ile Gly Ala Arg Asn
            180                 185                 190
Gln Val Thr Val Asp Ala Gly Gly Lys Ile His Leu Ile Asp Asp Ile
        195                 200                 205
Asp Glu Tyr Arg Lys Gly Asn Ser Lys Gly Thr Trp Asn Ser Val Ile
    210                 215                 220
Lys Leu Ala Asp Glu Leu Arg Glu Lys Lys Ile Lys Ile Gly Phe Phe
225                 230                 235                 240
Ser Ser Thr Pro Gln Gly Gly Val Ala Asp Pro Asn Leu Arg Leu Ser
                245                 250                 255
Lys Glu Ala Lys Asp Asn Phe Asp Ala Trp Ile Leu Lys Asn Gly Leu
            260                 265                 270
Arg Trp Thr Ala Glu Gly Gly Pro Leu Ala Pro Gly Gly Val Asp Ile
        275                 280                 285
Ala Phe Ile Asp Asp Pro Gln Met Pro Gly Leu Ile Pro Leu Ile Lys
    290                 295                 300
Arg Val Arg Pro Asp Leu Pro Ile Ile Tyr Arg Ser His Ile Glu Ile
305                 310                 315                 320
Arg Ser Asp Leu Val His Val Ala Gly Ser Pro Gln Glu Glu Val Trp
                325                 330                 335
Lys Tyr Leu Trp Asn Asn Ile Gln His Ala Asp Leu Phe Ile Ser His
            340                 345                 350
Pro Val Asn Lys Phe Val Pro Ser Asp Val Pro Pro Glu Lys Leu Thr
        355                 360                 365
Leu Leu Gly Ala Ala Thr Asp Trp Leu Asp Gly Leu Asn Lys Pro Leu
    370                 375                 380
Gly Asp Trp Asp Leu Gln Tyr Tyr Met Gly Glu Phe Arg Gln Leu Cys
385                 390                 395                 400
Val Lys Glu Lys Met Thr Glu Leu Gly Trp Pro Leu Arg Asp Tyr Ile
                405                 410                 415
Val Gln Ile Ala Arg Phe Asp Pro Ser Lys Gly Ile Pro Asn Val Ile
            420                 425                 430
Asp Ser Tyr Ala Arg Phe Arg Lys Leu Leu Ala Glu Lys Glu Pro Gly
        435                 440                 445
Thr Glu Pro Pro Gln Met Leu Ile Cys Gly His Gly Ala Val Asp Asp
    450                 455                 460
Pro Asp Ala Ser Ile Ile Tyr Asp Glu Thr Met Gln Leu Ile His Thr
465                 470                 475                 480
Lys Tyr Ala Glu Tyr Ala Lys Asp Phe Val Val Met Arg Cys Pro Pro
```

```
                485                 490                 495
Ser Asp Gln Leu Leu Asn Ala Leu Met Glu Asn Ser Lys Phe Ala Leu
            500                 505                 510
Gln Leu Ser Thr Arg Glu Gly Phe Glu Val Lys Val Ser Glu Ala Leu
        515                 520                 525
His Ala Gly Lys Pro Val Ile Ala Ser Arg Thr Gly Gly Ile Pro Leu
    530                 535                 540
Gln Ile Glu His Gly Lys Ser Gly Tyr Leu Cys Glu Pro Gly Asp Asn
545                 550                 555                 560
Ala Ala Val Ala Ser His Met Phe Asp Leu Tyr Thr Asp Asp Asp Leu
                565                 570                 575
Phe Asp Thr Met Ser Glu Tyr Ala Arg Thr His Val Ser Asp Glu Val
            580                 585                 590
Gly Thr Val Gly Asn Ala Ala Ala Trp Met Tyr Leu Ala Val Met Tyr
        595                 600                 605
Val Ser Arg Gly Val Arg Leu Gln Pro Lys Gly Ala Trp Leu Asn Asp
    610                 615                 620
Leu Met Arg Thr Glu Cys Gly Glu Pro Tyr Ala Pro Asn Glu Pro Arg
625                 630                 635                 640
Leu Pro Arg Ala Gly Leu Asn Val Gln Gly
                645                 650
```